

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b>  C12N 15/00	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> WO 99/51727  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 14. Oktober 1999 (14.10.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/01070  <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 31. März 1999 (31.03.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 16 395.9      3. April 1998 (03.04.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
<b>(54) Title:</b> HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL OVARY TISSUE  <b>(54) Bezeichnung:</b> MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARNORMALGEWEBE  <b>(57) Abstract</b>  The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal ovary tissue, coding for genetic products or parts thereof. The invention also relates to the use thereof. The invention further relates to polypeptides that can be obtained using said sequences and to the use thereof.  <b>(57) Zusammenfassung</b>  Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovarnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

## Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovarnormalgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus normalem Ovargewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.

15

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

20

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.

25

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

30

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, die im Ovarnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

45

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 hybridisieren.

50

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.



Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine  
5 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq ID No. 104-217, 230-253.

10 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq ID No. 104-217, 230-253 aufweisen.

15 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

20 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phase Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch  
25 Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 zur  
35 Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 als Arzneimittel in der Gentherapie zur  
40 Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq ID No. 104-217, 230-253 enthalten.

45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und  
50 deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq ID No. 1-100,

218-229, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen  
10 Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 31, 36, 40, 42, 53, 60, 68, 72, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

## Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

## Erklärung der Abbildungen

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und  
15 dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen  
20 Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.  
25 Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarnormalgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es  
35 wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.  
40 Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt. Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen  
45 Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken  
50 verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. .90 gefunden, die .9,2 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

30

Das Ergebnis ist wie folgt:

#### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

35

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust	0.0166	0.0056	0.0056	2.9490	0.3391	
40	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.0165	0.3707	2.6973	
	Eierstock	0.0240	0.0026	0.0026	9.2101	0.1086	
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.0125	0.2717	3.6805	
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.0123	0.3600	2.7779	
45	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz	0.0011	0.0137	0.0137	0.0771	12.9706	
	Hoden	0.0230	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
50	Lunge	0.0010	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.0060	0.2856	3.5020	
	Niere	0.0136	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	

	Penis	0.0090	0.0267	0.33692.9678
	Prostata	0.0044	0.0106	0.40952.4423
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.12230.8911
5	Uterus_allgemein	0.0611	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

	FOETUS	
15	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
20	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
25	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
35	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0291

## 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 3 gefunden, die 10,3.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

## 10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0153	0.0056	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0026	10.3610	0.0965
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0000	undef	0.0000
20	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0000	undef	0.0000
25	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
30	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
35	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
40	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
45	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
50	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0178
	Lunge	0.0036
55	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
Brust		0.0000





	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäßesse	0.0036
	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0000
5	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

10

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Häufigkeit

	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
15	Eierstock_t	0.0405
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
20	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
25	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

30

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duenn darm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
10	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0062	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
15	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844	0.4378
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
25	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0222			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038		0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061		0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120		0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0096		0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0052		0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0040		0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0000		0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032		0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000		0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062		0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027		0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060		0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153		0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153		0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032				
	Prostata-Hyperplasie	0.0059				
	Samenblase	0.0089				
30	Sinnesorgane	0.0118				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
	Zervix	0.0000				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0083				
	Gehirn	0.0063				
40	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefuesse	0.0036				
	Lunge	0.0036				
45	Nebenniere	0.0254				
	Niere	0.0309				
	Placenta	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
55	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0203				
	Endokrines_Gewebe	0.0245				
	Foetal	0.0012				
	Gastrointestinal	0.0000				
60	Haematopoetisch	0.0057				
	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0040				
65	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0000				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0052	4.0294	0.2482
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0205	0.2520	3.9685
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0114	0.0020	5.5884	0.1789
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.1695	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0163	0.0154	1.0559	0.9470
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0331			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0067	0.0041	1.6199	0.6173
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0128	0.0132	0.9722	1.0286
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0125	1.2226	0.8179
	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0266	0.0246	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0191	0.0412	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
20	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0116	0.0331	0.3490	2.8653
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0305	0.0341	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0167			
45	Gehirn	0.0751			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0911			
65	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0437			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
70	Haut-Muskel	0.0680			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0432			
75	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0387			
80	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0390	0.0204	1.9068	0.5244
	Brust 0.0895	0.0357	2.5072	0.3988
	Duennndarm 0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0449	0.0130	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe 0.0221	0.0201	1.1038	0.9060
10	Gastrointestinal 0.0402	0.0093	4.3488	0.2299
	Gehirn 0.0296	0.0298	0.9930	1.0070
	Haematopoetisch 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz 0.0329	0.0275	1.1950	0.8368
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0239	0.0041	5.8424	0.1712
	Magen-Speiserohre 0.0387	0.0537	0.7203	1.3883
	Muskel-Skelett 0.0463	0.0120	3.8549	0.2594
20	Niere 0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas 0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis 0.0958	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0392	0.0149	2.6322	0.3799
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0762	0.0204	3.7409	0.2673
	Uterus_allgemein 0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0384			
	Prostata-Hyperplasie 0.0238			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078			
	Zervix 0.0532			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0194			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0236			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0072			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0247			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0204			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0253			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0122			
	Gastrointestinal 0.0488			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0151			
65	Prostata 0.0342			
	Sinnesorgane 0.0155			
	Uterus_n 0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0468	0.0230	2.0339	0.4917
	Brust 0.0972	0.0526	1.8471	0.5414
	Duenn darm 0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock 0.1198	0.0156	7.6750	0.1303
	Endokrines_Gewebe 0.0324	0.0125	2.5811	0.3874
10	Gastrointestinal 0.0441	0.0324	1.3608	0.7348
	Gehirn 0.0229	0.0185	1.2399	0.8065
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch 0.0428	0.0065	6.6177	0.1511
15	Herz 0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0457	0.0184	2.4837	0.4026
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett 0.0685	0.0720	0.9518	1.0506
20	Niere 0.0516	0.0068	7.5339	0.1327
	Pankreas 0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis 0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0240	0.0192	1.2511	0.7993
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
	Uterus_allgemein 0.1579	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0863			
	Prostata-Hyperplasie 0.0386			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0745			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0557			
	Gastrointestinal 0.0222			
	Gehirn 0.0125			
40	Haematopoetisch 0.0118			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0036			
	Lunge 0.0289			
45	Nebenniere 0.0507			
	Niere 0.0124			
	Placenta 0.0364			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
55	Eierstock_n 0.4785			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0490			
	Foetal 0.0419			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0227			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0110			
65	Prostata 0.0137			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0179	1.3075	0.7648
	Brust	0.0397	0.0094	4.2193	0.2370
	Duenn darm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0509	0.0130	3.9143	0.2555
	Endokrines Gewebe	0.0426	0.0226	1.8868	0.5300
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0185	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0111	0.0185	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0322	0.0123	2.6248	0.3810
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0240	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0217	0.0205	1.0574	0.9457
	Pankreas	0.0215	0.0110	1.9445	0.5143
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0866	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0103	0.6480	1.5433
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0087	0.0192	0.4549	2.1981
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0810			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0234	0.4653	2.1492
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust 0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe 0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal 0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn 0.0037	0.0144	0.2571	3.8891
	Haematopoetisch 0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0388	0.2451	4.0800
15	Herz 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge 0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0267			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0188			
40	Haematopoetisch 0.0118			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0260			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0145			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0185			
	Placenta 0.0182			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0405			
	Endokrines_Gewebe 0.0735			
	Foetal 0.0029			
	Gastrointestinal 0.0122			
60	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0077			
	Uterus_n 0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0130	2.0723	0.4826
	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0277	0.3937	2.5400
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0405			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0300	0.3427	2.9183
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0952			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0251	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
20	Lunge	0.0208	0.0266	0.7816	1.2794
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0213	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
35	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
	Brust	0.0345	0.0075	4.5936	0.2177
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0571	0.0137	2.6984	0.3706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0260	0.0225	1.1546	0.8661
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0307	0.0301	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0072	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0020	4.5723	0.2187
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0204	2.6695	0.3746
	Brust	0.0397	0.0075	5.2741	0.1896
	Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0103	0.0051	2.0159	0.4961
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0041	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0120	1.5705	0.6367
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0362	0.8430	1.1863
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0816			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064	-		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
50	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
55	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
65	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0214	0.0072	2.9827	0.3353
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0128		0.6102	1.6389
	Brust	0.0026		0.0019		1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0240		0.0052		4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0050		1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0077		0.0046		1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0089		0.0236		0.3756	2.6622
	Haematopoetisch	0.0147		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
15	Herz	0.0074		0.0275		0.2698	3.7059
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0093		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0483		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0060		1.9989	0.5003
20	Niere	0.0163		0.0068		2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0149		0.0110		1.3462	0.7429
	Penis	0.0030		0.0533		0.0562	17.8070
	Prostata	0.0087		0.0021		4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0204		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064	-				
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0194					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0145					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.1703					
65	Uterus_n	0.0208					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
-35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestenstinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0150	0.2552	3.9185
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0569	0.0078	7.2913	0.1371
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0150	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0164	0.3150	3.1748
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0375
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0194
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0230	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0100	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0287	0.0231	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0037	0.0123	0.3000	3.3335
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0153	3.1513	0.3173
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
25	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0153	0.0255	0.5971	1.6747
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0869	0.9871	1.0131
	Brust	0.0985	0.1128	0.8733	1.1450
	Duennndarm	0.0766	0.0496	1.5447	0.6474
	Eierstock	0.1707	0.0702	2.4304	0.4114
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0602	0.8774	1.1398
10	Gastrointestinal	0.0862	0.1619	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0806	0.1191	0.6765	1.4782
	Haematopoetisch	0.1123	0.0758	1.4821	0.6747
	Haut	0.0771	0.0847	0.9097	1.0992
	Hepatisch	0.0333	0.1423	0.2340	4.2743
15	Herz	0.0774	0.0550	1.4070	0.7107
	Hoden	0.0518	0.1286	0.4025	2.4843
	Lunge	0.0602	0.0634	0.9505	1.0521
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.1073	0.7203	1.3883
	Muskel-Skelett	0.0719	0.1500	0.4797	2.0845
20	Niere	0.0434	0.1232	0.3525	2.8372
	Pankreas	0.0595	0.2099	0.2834	3.5285
	Penis	0.0419	0.0533	0.7862	1.2719
	Prostata	0.1417	0.1277	1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0679	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.1681	0.1908	0.8807	1.1355
	Brust-Hyperplasie	0.0767			
	Prostata-Hyperplasie	0.1397			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0858			
	Zervix	0.0958			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

FOETUS  
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.1250
Gehirn	0.1439
Haematopoetisch	0.0472
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefuesse	0.0569
Lunge	0.0975
Nebenniere	0.0761
Niere	0.1112
Placenta	0.0727
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0251

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

Brust	0.0204
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0304
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0309
Lunge	0.0000
Nerven	0.0211
Prostata	0.0957
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0179	0.2179	4.5888
	Brust	0.0128	0.0094	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0140	0.0164	0.8550	1.1697
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.1695	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0128	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0613	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0278	1.5186	0.6585
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1294	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0170	0.5636	0.0301	33.2371
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.2176	0.0060	36.2649	0.0276
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0532	0.9008	1.1101
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0545	0.0025	21.7359	0.0460
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0741			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195		0.0179		1.0896	0.9178
	Brust	0.0205		0.0113		1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0210		0.0026		8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0102		0.0075		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0093		0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0229		0.0185		1.2399	0.8065
	Haematopoetisch	0.0160		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0259		0.0000	undef
15	Herz	0.0064		0.0137		0.4626	2.1618
	Hoden	0.0173		0.0234		0.7380	1.3551
	Lunge	0.0125		0.0041		3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0230		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137		0.0120		1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081		0.0137		0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0033		0.0055		0.5983	1.6714
	Penis	0.0150		0.0533		0.2808	3.5614
	Prostata	0.0218		0.0128		1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0136		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0357		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0297					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0111					
	Gehirn	0.0188					
40	Haematopoetisch	0.0236					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
	Herz-Blutgefuesse	0.0142					
	Lunge	0.0217					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0076					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0211					
	Prostata	0.0342					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0716	1.3620	0.7342
	Brust	0.1292	0.0733	1.7624	0.5674
	Duenn darm	0.0429	0.0496	0.8651	1.1560
	Eierstock	0.1917	0.0624	3.0700	0.3257
10	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0226	3.5472	0.2819
	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0939	0.2126	0.4417	2.2639
	Haematopoetisch	0.0441	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.1358	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
	Herz	0.1441	0.3986	0.3616	2.7658
	Hoden	0.0863	0.0234	3.6898	0.2710
20	Lunge	0.0862	0.0818	1.0542	0.9486
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.1645	0.2580	0.6375	1.5686
	Niere	0.0299	0.1096	0.2726	3.6683
25	Pankreas	0.0264	0.1215	0.2176	4.5964
	Penis	0.1856	0.1333	1.3927	0.7180
	Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.1013	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0747	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.1833	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0895			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
35	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0823			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1145			
	Zervix	0.1278			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0861			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.1210			
	Lunge	0.0867			
	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0618			
55	Placenta	0.1030			
	Prostata	0.1745			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
75	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0141		0.0132		1.0694	0.9351
	Duennndarm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0270		0.0052		5.1807	0.1930
10	Endokrines_Gewebe	0.0102		0.0276		0.3705	2.6991
	Gastrointestinal	0.0172		0.0139		1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0074		0.0185		0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0201		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0053		0.0137		0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0499		0.0225		2.2169	0.4511
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0307		0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0060		1.9989	0.5003
	Niere	0.0054		0.0274		0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0083		0.0221		0.3739	2.6743
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0109		0.0064		1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
35	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0503					
	Zervix	0.0106					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0111					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0181					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
60	%Haeufigkeit						
	Brust	0.3129					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.1164					
65	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0274					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
70	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0070					
75	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0619					
80	Uterus_n	0.0375					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0599	0.0078	7.6750	0.1303
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.1174			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.2582	0.0604	16.5526
	Brust 0.0205	0.0357	0.5731	1.7450
	Duennndarm 0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock 0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines_Gewebe 0.0460	0.0326	1.4107	0.7088
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0015	0.0698	0.0212	47.2249
	Haematopoetisch 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0184	0.5085	0.0361	27.7007
	Hepatisch 0.0190	0.0518	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0617	0.0480	1.2850	0.7782
20	Niere 0.0434	0.0137	3.1722	0.3152
	Pankreas 0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis 0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1358	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0696			
	Gastrointestinal 0.3554			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.2281			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 1.6381			
	Herz-Blutgefuesse 0.0427			
	Lunge 0.1337			
45	Nebenniere 1.0903			
	Niere 0.6857			
	Placenta 0.6847			
	Prostata 0.0499			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0544			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.1063			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.4170			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0448	0.0132	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0251	0.7472	1.3384
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0333	0.0236	1.4086	0.7099
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0180	0.0687	0.2621	3.8149
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0280	0.0204	1.3717	0.7290
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663	1.5009
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0274			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.1316			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL %Häufigkeit	TUMOR %Häufigkeit	Verhältnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0307	1.1441	0.8741
	Brust	0.0422	0.0470	0.8983	1.1132
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0839	0.0156	5.3725	0.1861
10	Endokrines Gewebe	0.0307	0.0351	0.8733	1.1451
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0266	0.0185	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0297	0.0550	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
20	Lunge	0.0229	0.0184	1.2419	0.8052
	Magen-Speiseröhre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0291	0.0180	1.6181	0.6180
	Niere	0.0407	0.0205	1.9826	0.5044
25	Pankreas	0.0248	0.0718	0.3452	2.8971
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0414	0.0341	1.2156	0.8227
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0408	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0954	0.4270	2.3420
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
35	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkörperchen	0.0477			
	Zervix	0.0426			
40	FOETUS				
		%Häufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0305			
45	Gehirn	0.1001			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefäße	0.0249			
	Lunge	0.0542			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.1130			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Häufigkeit			
	Brust	0.0680			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0250			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0491			
75	Nerven	0.0392			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.3561			
	Uterus_n	0.0624			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0204	0.9534	1.0489
	Brust	0.0128	0.0132	0.9722	1.0286
	Duenn darm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0059	0.0144	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0240	0.5711	1.7510
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0523	0.0511	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0361			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0176	1.7466	0.5725
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0155	0.0185	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0177	0.0245	0.7197	1.3894
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0389			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0498			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0232			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.2262	0.2019	1.1199	0.8929
	Brust	0.2315	0.2876	0.8051	1.2421
	Duenn darm	0.2483	0.0992	2.5025	0.3996
	Eierstock	0.4463	0.1743	2.5603	0.3906
	Endokrines_Gewebe	0.1448	0.1304	1.1103	0.9007
10	Gastrointestinal	0.1456	0.2637	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.1183	0.2495	0.4740	2.1095
	Haematopoetisch	0.2901	0.1515	1.9144	0.5224
	Haut	0.1909	0.9322	0.2048	4.8831
	Hepatisch	0.0856	0.3753	0.2282	4.3822
15	Herz	0.1971	0.2199	0.8963	1.1157
	Hoden	0.0978	0.2923	0.3345	2.9892
	Lunge	0.2223	0.2249	0.9884	1.0118
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.2147	0.8554	1.1691
	Muskel-Skelett	0.1542	0.4139	0.3725	2.6849
20	Niere	0.1249	0.2944	0.4242	2.3575
	Pankreas	0.2131	0.1767	1.2059	0.8292
	Penis	0.1916	0.1866	1.0269	0.9738
	Prostata	0.3226	0.2747	1.1744	0.8515
	Uterus_Endometrium	0.1892	0.4222	0.4481	2.2316
25	Uterus_Myometrium	0.4040	0.3532	1.1438	0.8742
	Uterus_allgemein	0.3718	0.1908	1.9482	0.5133
	Brust-Hyperplasie	0.2494			
	Prostata-Hyperplasie	0.2557			
	Samenblase	0.3382			
30	Sinnesorgane	0.1529			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2064			
	Zervix	0.2449			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.2783			
	Gastrointestinal	0.4137			
	Gehirn	0.4004			
40	Haematopoetisch	0.2045			
	Haut	0.5025			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.4091			
	Lunge	0.2962			
45	Nebenniere	0.2535			
	Niere	0.3212			
	Placenta	0.1757			
	Prostata	0.2244			
	Sinnesorgane	0.0502			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1429			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.2177			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0530			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0737			
	Nerven	0.0311			
65	Prostata	0.0752			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0416			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0294	0.0169	1.7391	0.5750
	Duenn darm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0370	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0333	0.0205	1.6199	0.6173
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0249	0.0102	2.4386	0.4101
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0389	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0414	0.0362	1.1441	0.8741
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0628			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0382			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0232			
65	Uterus_n	0.0375			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0307	0.6356	1.5733
	Brust	0.0115	0.0056	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0226	0.1509	6.6250
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0288	0.0133	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
	Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0073	0.0061	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0528	0.5121	1.9526
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0089	0.0103	0.8640	1.1575
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0254	0.0412	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0383	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235	1.9102
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
50	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
60	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1443	0.2019	0.7144	1.3997
	Brust	0.1906	0.1842	1.0347	0.9665
	Duennndarm	0.2054	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.4073	0.1639	2.4853	0.4024
10	Endokrines Gewebe	0.1329	0.1304	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.1839	0.2775	0.6627	1.5090
	Gehirn	0.0821	0.2434	0.3372	2.9656
	Haematopoetisch	0.2219	0.0379	5.8579	0.1707
15	Haut	0.1836	0.2542	0.7220	1.3850
	Hepatisch	0.0476	0.2911	0.1634	6.1200
	Herz	0.1802	0.1375	1.3107	0.7630
	Hoden	0.1266	0.2222	0.5697	1.7554
20	Lunge	0.1174	0.2229	0.5267	1.8987
	Magen-Speiserohre	0.1546	0.2223	0.6955	1.4379
	Muskel-Skelett	0.1165	0.0780	1.4936	0.6695
	Niere	0.0706	0.2191	0.3222	3.1039
25	Pankreas	0.1421	0.2154	0.6597	1.5159
	Penis	0.1976	0.0800	2.4709	0.4047
	Prostata	0.1962	0.1725	1.1374	0.8792
	Uterus_Endometrium	0.2162	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.2515	0.2241	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.2445	0.0954	2.5620	0.3903
	Brust-Hyperplasie	0.2238			
	Prostata-Hyperplasie	0.2943			
35	Samenblase	0.4183			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1179			
	Zervix	0.1810			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.3193			
45	Gehirn	0.3378			
	Haematopoetisch	0.2006			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.1565			
	Lunge	0.2962			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.2286			
55	Placenta	0.0606			
	Prostata	0.1995			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.1013			
65	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0309			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.2278			
70	Haut-Muskel	0.0713			
	Hoden	0.0463			
	Lunge	0.0655			
	Nerven	0.0291			
75	Prostata	0.1094			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0895	0.7845	1.2747
	Brust	0.0333	0.0094	3.5387	0.2826
	Duennndarm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0847	0.2599	3.8473
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0041	4.5723	0.2187
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0528	1.6644	0.6008
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0340	0.8978	1.1138
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1278			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0861			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.2484			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0524			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0141			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0273	0.0256	1.0678	0.9365
	Brust 0.0269	0.0338	0.7939	1.2595
	Duendarm 0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock 0.0749	0.0338	2.2140	0.4517
	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0244	0.0298	0.8193	1.2206
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0148	0.0550	0.2698	3.7059
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0166	0.0225	0.7390	1.3533
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.1285	0.0300	4.2833	0.2335
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata 0.0022	0.0149	0.1462	6.8384
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein 0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0083			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0247			
	Placenta 0.0606			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0612			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0253			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	_Foetal 0.0291			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0162			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0120			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0051	3.8136	0.2622
	Brust	0.0179	0.0094	1.9055	0.5248
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0329	0.0104	3.1660	0.3159
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0205	0.8280	1.2078
	Haematopoetisch	0.0107	0.0758	0.1412	7.0845
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0241			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0619			
65	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0376	1.1569	0.8644
	Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.1587	0.0182	8.7167	0.1147
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0050	5.7736	0.1732
	Gastrointestinal	0.0249	0.0231	1.0768	0.9286
	Gehirn	0.0237	0.1551	0.1526	6.5542
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
	Herz	0.0276	0.2749	0.1002	9.9774
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
20	Lunge	0.0239	0.0184	1.2983	0.7702
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0180	1.8085	0.5529
	Niere	0.0706	0.0068	10.309	0.0970
25	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.1228	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0392	0.0277	1.4173	0.7056
	Uterus_Endometrium	0.1081	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.1296	0.1223	1.0599	0.9435
	Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1384			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0389			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0506			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.3190			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0488			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0192	0.0357	0.5373	1.8613
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0270	0.0078	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0251	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0468	0.3690	2.7102
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0713			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0818	1.1918	0.8391
	Brust	0.0640	0.0470	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0460	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0958	0.0130	7.3680	0.1357
10	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
	Gastrointestinal	0.0249	0.0185	1.3461	0.7429
	Gehirn	0.0185	0.0370	0.5000	2.0001
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0571	0.0194	2.9412	0.3400
	Herz	0.0392	0.1649	0.2377	4.2067
	Hoden	0.0690	0.0117	5.9037	0.1694
20	Lunge	0.0301	0.0286	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0480	1.2850	0.7782
	Niere	0.0299	0.0274	1.0904	0.9171
25	Pankreas	0.0066	0.0939	0.0704	14.2070
	Penis	0.0659	0.0267	2.4709	0.4047
	Prostata	0.0349	0.0234	1.4889	0.6716
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901
	Uterus_allgemein	0.0815	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0639			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0639			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0434			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
55	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0502			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1020			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0239			
	Gastrointestinal	0.0366			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.5264	0.1534	3.4322	0.2914
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.2575	0.0496	5.1903	0.1927
	Eierstock	0.0449	0.0052	8.6344	0.1158
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.2395	0.0416	5.7524	0.1738
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0776	0.5515	1.8133
15	Herz	0.2353	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0403	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0519	0.0041	12.7009	0.0787
	Magen-Speiserohre	0.4252	0.2070	2.0542	0.4868
	Muskel-Skelett	0.2090	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0828	0.0598	16.7142
	Penis	0.4042	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.2659	0.1767	1.5046	0.6646
	Uterus_Endometrium	0.1959	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.3659	0.1834	1.9951	0.5012
	Uterus_allgemein	0.3056	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.1784			
	Samenblase	0.3204			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1384			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.1194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.1587			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0666			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0409	0.0432	0.9468	1.0562
	Duennndarm	0.0705	0.0165	4.2635	0.2345
	Eierstock	0.0569	0.0208	2.7342	0.3657
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0632	0.0093	6.8338	0.1463
	Gehirn	0.0806	0.1017	0.7927	1.2615
	Haematopoetisch	0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0847	0.4332	2.3084
	Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824	1.1333
15	Herz	0.0201	0.0687	0.2930	3.4133
	Hoden	0.1381	0.0234	5.9037	0.1694
	Lunge	0.0488	0.0266	1.8367	0.5444
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0540	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
	Penis	0.0539	0.0800	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0785	0.0383	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0745			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
45	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
55		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0680			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1671			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
65	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0241			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0307	2.2882	0.4370
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines Gewebe	0.0255	0.0176	1.4555	0.6870
10	Gastrointestinal	0.0402	0.0185	2.1744	0.4599
	Gehirn	0.0207	0.0277	0.7466	1.3394
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0453	0.3151	3.1733
15	Herz	0.0403	0.0412	0.9766	1.0240
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0322	0.0204	1.5749	0.6350
	Magen-Speiserohre	0.0966	0.0383	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0330	0.0110	2.9915	0.3343
	Penis	0.2036	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0567	0.0341	1.6634	0.6012
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0543	1.9640	0.5092
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241
	Gehirn	0.0096	0.0133	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0383	0.4068	2.4583
	Brust	0.0563	0.0226	2.4953	0.4008
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663	0.0668
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0170	0.0236	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0197	0.0102	1.9305	0.5180
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0501	0.0192	2.6159	0.3823
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0409	0.5720	1.7481
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0104	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0164	0.7650	1.3073
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0136	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1316			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0204	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0244	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0389	0.0078	4.9888	0.2004
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0218	0.0184	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0383	1.0084	0.9916
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663	1.5009
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.1013			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0458			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0056	2.9490	0.3391
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0409	2.3835	0.4196
	Brust	0.0217	0.0038	5.7845	0.1729
	Duenndarm	0.0521	0.0496	1.0504	0.9520
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0041	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.1160	0.0383	3.0253	0.3305
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0928	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0170	1.6634	0.6012
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0408	0.9352	1.0693
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0204	0.5720	1.7481
	Brust	0.0102	0.0169	0.6049	1.6531
	Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0201	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0118	0.0133	0.8861	1.1285
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0274	0.0144	1.9027	0.5256
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	undef	undef
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.3081	0.1048	2.9393	0.3402
	Brust	0.0691	0.0432	1.5978	0.6259
	Duenndarm	0.0889	0.0165	5.3757	0.1860
	Eierstock	0.0809	0.0286	2.8258	0.3539
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.1552	0.0231	6.7095	0.1490
	Gehirn	0.0503	0.0257	1.9583	0.5106
	Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0257	0.0847	0.3032	3.2977
	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
	Herz	0.0477	0.0275	1.7347	0.5765
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0280	0.0184	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.2126	0.1303	1.6313	0.6130
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
	Niere	0.0244	0.0274	0.8922	1.1209
25	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.2395	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.2288	0.1277	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.2230	0.1583	1.4084	0.7101
30	Uterus_Myometrium	0.3354	0.2989	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.2852	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0512			
	Prostata-Hyperplasie	0.1397			
35	Samenblase	0.6943			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1704			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0417			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0434			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0732			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
75	Nerven	0.0281			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0833			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0052	5.1807	0.1930
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642	1.3086
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0111	0.0133	0.8307	1.2038
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0166	0.0061	2.7095	0.3691
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530	1.1723
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0173			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0167			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0383	0.2034	4.9166
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duenn darm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0479	0.0156	3.0700	0.3257
10	Endokrines Gewebe	0.0375	0.0276	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0307	0.0185	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0569	0.0503	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0330	0.0847	0.3899	2.5649
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0329	0.0137	2.3900	0.4184
	Hoden	0.0288	0.0585	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0177	0.0266	0.6644	1.5052
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0300	0.4569	2.1888
	Niere	0.0326	0.0205	1.5861	0.6305
25	Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5714
	Penis	0.0479	0.1066	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0414	0.0255	1.6207	0.6170
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
30	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0272	1.4028	0.7128
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
35	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0426			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0389			
45	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.1156			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0331			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0697			
80	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 218

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0123	0.0056	2.1917	0.4563
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0213	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0074	0.9209	1.0859
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 219

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0599	0.0272	2.2075	0.4530
	Blase	0.1677	0.0376	4.4599	0.2242
	Brust	0.1602	0.0520	3.0803	0.3246
	Dickdarm	0.1686	0.0513	3.2892	0.3040
	Duenndarm	0.0741	0.0746	0.9938	1.0062
10	Eierstock	0.1098	0.0906	1.2116	0.8254
	Endokrines_Gewebe	0.1381	0.0851	1.6221	0.6165
	Gehirn	0.0544	0.0568	0.9569	1.0450
	Haut	0.1505	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0381	0.3662	2.7306
15	Herz	0.0639	0.0825	0.7753	1.2898
	Hoden	0.0642	0.0296	2.1714	0.4605
	Lunge	0.1381	0.0425	3.2488	0.3078
	Magen-Speiseroehre	0.0652	0.0320	2.0404	0.4901
	Muskel-Skelett	0.1114	0.0554	2.0102	0.4975
20	Niere	0.0985	0.1157	0.8511	1.1749
	Pankreas	0.0496	0.0718	0.6904	1.4485
	Prostata	0.0509	0.0287	1.7759	0.5631
	T_Lymphom	0.0833	0.0224	3.7193	0.2689
	Uterus	0.1478	0.1058	1.3969	0.7159
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.1848	0.0911	2.0289	0.4929
	Haematopoetisch	0.0909			
	Penis	0.1448			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0353			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
35	Gastrointestinal	0.0500			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0747			
40	Lunge	0.1734			
	Nebenniere	0.1268			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0405			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0544			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0698			
	Prostata_n	0.0424			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 220

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0047	2.4892	0.4017
	Brust	0.0167	0.0056	2.9745	0.3362
	Dickdarm	0.0096	0.0028	3.3639	0.2973
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0208	0.0024	8.7103	0.1148
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0089	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0101	0.0137	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0078	0.0074	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0185	0.6494	1.5398
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7137
	Prostata	0.0019	0.0039	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 221

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0429	0.0141	3.0424	0.3287
	Brust	0.0387	0.0084	4.5922	0.2178
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0165	0.0107	1.5459	0.6469
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589	0.1004
	Gehirn	0.0041	0.0100	0.4062	2.4620
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0457	0.0137	3.3227	0.3010
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0467	0.0296	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0222	0.7731	1.2934
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0075	0.0052	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0281	0.0138	2.0348	0.4915
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0418			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0476			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0405			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern blot Seq-ID: 222

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0164	0.4741	2.1091
	Brust	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	1.8107	0.5523
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0137	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0126	0.0018	6.8408	0.1462
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0256	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0282
	Prostata	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0074	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0225			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 223

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0546	0.0188	2.9041	0.3443
	Brust	0.0387	0.0056	6.8883	0.1452
	Dickdarm	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0302	0.0107	2.8342	0.3528
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0093	0.0060	1.5474	0.6463
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0092	1.8944	0.5279
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0074	2.5514	0.3919
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0254	0.0221	1.1491	0.8702
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0414	0.0184	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0724			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 224

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0079	0.0084	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0134	0.0057	2.3547	0.4247
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0167	1.4221	0.7032
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0071	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0162	0.0598	0.2708	3.6929
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0571	0.0000	undef
15	Herz	0.0152	0.0275	0.5538	1.8057
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0282	0.0185	1.5260	0.6553
	Magen-Speiserohre	0.0435	0.0128	3.4006	0.2941
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0074	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0134	0.0145	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3961	0.7163
	Prostata	0.0207	0.0065	3.1835	0.3141
	T_Lymphom	0.0354	0.0075	4.7336	0.2113
	Uterus	0.0103	0.0092	1.1245	0.8893
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0281			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.2942			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 225

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0047	0.8297	1.2052
	Brust	0.0062	0.0028	2.1917	0.4563
	Dickdarm	0.0038	0.0085	0.4485	2.2295
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0124	0.5173	1.9329
	Gehirn	0.0006	0.0040	0.1451	6.8935
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0078	0.0037	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0232			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 226

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0679	0.1472	6.7951
	Blase	0.0546	0.0540	1.0101	0.9900
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0460	0.0256	1.7941	0.5574
	Duennndarm	0.0631	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0326	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0195	0.0000	undef
	Gehirn	0.0069	0.0080	0.8704	1.1489
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465	0.1396	0.3329	3.0036
15	Herz	0.0183	0.5773	0.0316	31.6005
	Hoden	0.0402	0.0118	3.3928	0.2947
	Lunge	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.2227	0.0037	60.3053	0.0166
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3710
	Prostata	0.0716	0.1016	0.7050	1.4185
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0133			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 227

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0375	0.0272	1.3797	0.7248
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0264	0.0169	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0268	0.0085	3.1397	0.3185
	Duenn darm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0386	0.0072	5.3921	0.1855
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0408	0.3543	2.8227
	Gehirn	0.0179	0.0289	0.6203	1.6122
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6929
	Hoden	0.0241	0.0059	4.0713	0.2456
	Lunge	0.0895	0.0277	3.2274	0.3098
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0320	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0074	4.4069	0.2269
20	Niere	0.0179	0.0241	0.7428	1.3463
	Pankreas	0.0116	0.0442	0.2618	3.8203
	Prostata	0.0160	0.0117	1.3666	0.7317
	T_Lymphom	0.0253	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0133	0.0046	2.8915	0.3458
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0561	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0241			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.3878			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1317			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0388			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0788			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0619			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 228

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0164	0.0000	undef
	Brust	0.0405	0.0126	3.2006	0.3124
	Dickdarm	0.0134	0.0114	1.1774	0.8493
	Duennndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0072	3.3182	0.3014
	Endokrines_Gewebe	0.0257	0.0408	0.6298	1.5878
	Gehirn	0.0307	0.0199	1.5377	0.6503
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0063	2.1973	0.4551
15	Herz	0.0244	0.0550	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0302	0.0222	1.3594	0.7356
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0148	0.8118	1.2318
20	Niere	0.0112	0.0145	0.7737	1.2924
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2535
	Prostata	0.0113	0.0156	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0149	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0133	0.0046	2.8915	0.3458
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0194			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
40	Lunge	0.0397			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0266			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.1394			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 229

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0225	0.0136	1.6556	0.6040
	Blase	0.1053	0.0775	1.3578	0.7365
	Brust	0.0590	0.0464	1.2714	0.7865
	Dickdarm	0.0249	0.0114	2.1866	0.4573
	Duennndarm	0.0494	0.0213	2.3189	0.4312
10	Eierstock	0.1009	0.0143	7.0512	0.1418
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0213	1.2826	0.7797
	Gehirn	0.0162	0.0369	0.4391	2.2773
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0604	0.0190	3.1739	0.3151
15	Herz	0.0386	0.1649	0.2338	4.2768
	Hoden	0.0843	0.0118	7.1248	0.1404
	Lunge	0.0311	0.0277	1.1226	0.8908
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0320	0.9068	1.1027
	Muskel-Skelett	0.0651	0.0295	2.2035	0.4538
20	Niere	0.0246	0.0193	1.2767	0.7833
	Pankreas	0.0099	0.0939	0.1056	9.4711
	Prostata	0.0254	0.0169	1.5027	0.6655
	T_Lymphom	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0709	0.0690	1.0281	0.9727
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0201	-		
	Penis	0.0644			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0353			
30		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0639			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
40	Lunge	0.0434			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0628			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.1088			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0249			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden_n	0.0084			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0270			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarnormalgewebe gefunden werden.



Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

### **Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom**

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

**Beispiel 5****Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone  
 (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,  
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit  
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek  
 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)  
 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer  
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA  
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die  
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der  
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse  
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit  
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.  
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen  
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.  
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
34	557/M/18	505/J/22	265/C/21	283/A/10	437/O/12
22	284/K/14	489/D/6			
91	223/L/22	282/D/7	450/I/23	471/O/19	511/N/18
64	412/O/1				
47	235/P/14	387/M/10			

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
1	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		4q13.3-q21.1	SHGC-8598; D4S2947-D4S400	2674
2	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt				1500
3	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu SPC18	signal_pept_1	8q11.23	SHGC-35901	1536
4	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	E25		Xq21.1-21.2	Chr. Xq21.1-21.2	2164
5	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	GUANYLATE_CYCLASES_2	2p23.1-p23.2	SHGC-13407; D2S171-D2S174	2256
6	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	Adap_comp_sub	19p13.2	sISG4364; D19S226-D19S930	1093
7	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p32.3-p34.3	SHGC-10178; D1S193-D1S231;; sISG4376	2191
8	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	9q34.2	WI-15356; D9S158-D9S1838	734
9	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		7p12.3-p13	IB1312; D7S691-D7S478;; WI-9635; D7S478-D7S519	2802
10	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt				1011

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
11	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu dem bilhoraxoid-like protein aus R.norvegicus		11q13.2-q14.1	WI-16987; D11S913- D11S916	740
12	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu dem MACROPHAGE CAPING PROTEIN	GELS	9q33.1-q34.11	SHGC-10707; D9S282- D9S1798	1159
13	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Decorin		12q21.31-q22	WI-17110; D12S322- D12S346	2099
14	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	VDUP1		1q12-q21.2	TIGR-A002032; D1S442- D1S305	596
16	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		17p13.1-p13.2	D17S796-D17S960	1705
18	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu enoyl-CoA Hydratase	ECH	1p32.3-p34.2	SHGC-10197; D1S231- D1S2661	2396
19	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt			SHGC-14866	869
20	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu MAGE		Xp11.22	SHGC-35118 (SHGC- 32184-SHGC-3741)	1462
21	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	ESTERASE	3p21.1-p22.1	SGC33900; D3S3564- D3S1588	1676
22	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.11-p36.13	SHGC-33541	602
23	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2p13.3-p15	SHGC-9986+ TIGR- A005N18; D2S337-D2S147	357

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
24	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		19q13.2-q13.33	WI-11704; D19S219-D19S418	656
25	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		16p11.2-q12.1	SHGC-11302; D16S3093-D16S409	745
26	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.1-p21.2	WI-3521	843
27	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Caveolin			AFM242yc3	1217
28	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2p23.1-p23.2	AFMa309xd1	977
29	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		11p12	GATA6C04 (SHGC-11703-SHGC-3286)	556
31	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		10p14	SHGC-11848 (EST00816-SHGC-3933)	2169
33	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		9p13.3-p23	TIGR-A006H29; D3S1569-D3S1550 ; WI-12091; D20S891-D20S109 RH:SHGC-17779/ GATA50C05	595
34	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	MGP		12p12.3	SHGC-11783 (D12S2116-D12S1894)	1089
35	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q33.1-q35	SHGC-10373; D2S155-D2S2382	2510
36	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17p24.3-q25.3	TIGR-A002D24; D17S840-D17S785	2058

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
37	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q22.1-q22.3	SGC30984; D2S381- D2S356;; SHGC-30984; D2S155-D2S2382;; TIGR- A004T42; D2S356-D2S321 D9S178-D9S286	2073
38	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		9p23-p24.1		269
40	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	10q21.3-q22.2	SGC31334; D10S537- D10S218	1491
41	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	16p12.1-p13.11	SHGC-328; D16S410- D16S3045;; WI-2753; D16S499-D16S410	1790
42	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		Xq21.2-q24	Cosmid V857G6, DXS366- DXS87 on Chr. X	512
43	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FEL		4q13.3-q22.1	WI-8446; D4S395-D4S414	1678
45	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	m6A Methyltransferase		14q11.1-q11.2	slSG9836; D14S283- D14S275	1670
47	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu C10		12p12.3-p13.31	RH:SHGC-31976; D12S328-D12S1695	881
49	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu ETR 101	NLS_BP	19p13.2	AA258008; D19S221- D19S226	2076
50	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu 40S RIBOSOMAL PROTEIN S15	S19	3p21.31-p21.1	AFM274yd5 (D3S1588- D3S3672)	548
52	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	UBA; UX_DOMAIN	11q13.1	NIB715	1177

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
53	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu PHOSPHOLIPASE A2	phoslip	1p34-p36.1		1116
55	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	CYTOCHROME P450 XIA1	p450	15q23-q24.1	SHGC-10349; D15S197- D15S114; WL-8987; D15S215-D15S114	1556
56	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FK-506	FKBP; FKBP_PPIASE_3; TPR_REGION	19p13.12-p11	sis-L37033; D19S407- D19S222	1581
58	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Vimentin	COILS	10p13		1121
59	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.1-p22.1	SHGC-31506	620
60	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	DRAL	LIM	2q11.2-q12.1	SHGC-11255; D2S373- D2S176	1585
61	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	H19	NLS_BP	11p15.5		947
62	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu SPECTRIN	SPEC_REPEAT: PH_DOMAIN	2p16.1-p16.3	SHGC-11220+slSG447; D2S123-D2S378	2559
63	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Cyclin I	Cyclin; PRO_RICH	4q12-q13.3	WL-11792; D4S392- D4S2958	1493
64	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	1p36.13-p36.11	AFM296zc9	1135
65	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Nucleosome Assembly Protein 1-Like Protein	NAP_family	12p12.1-p11.1	AFMb041xb9 (D12S1821- D12S1856)	1271

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
66	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Laminin Rezeptor Homolog	Ribosomal_L10e	19p13.2	AFM224ye9	887
67	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu TSC-22	TCS22	13q14.11-q21.1	WI-13180; D13S263- D13S155	1487
68	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	DYNACTIN	CAP_GLY_2; COILS; PRO_RICH	2p11.2-p13.1	SHGC-4184; D2S145- D2S286	3534
69	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu NAP			SHGC-11561; D6S1558- D6S1616 bzw. D17S791- D17S794	369
70	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu RIBOSOMAL PROTEIN L13	Ribosomal_L13e	16q23.3-q24.3	SHGC-2489; D16S422- qTEL	915
71	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FIBULIN-1	ANAPHYLATOXIN_2; EGF_CA_2	22q13	SHGC-11380; D22S272- D22S274	2150
72	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	serin protease with IGF- binding motif	Kazal; PDZ	10q25.3-q26.3	IB2169; D10S531- D10S209	1705
74	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	ADDUCIN	Aldolase_II	4p16.3-pter	SHGC-8050; D4S_pter- D4S1614	1565
76	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	IGFBP-5	IGFBP; Thyroglobulin_1; PRO_RICH;	2q34-q35	SHGC-12443; D2S2382- D2S164	4750
77	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	APEX nuclease	AP_endonuclease1	2p24.3	WI-9010	1505
78	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu IGFBP-4	IGFBP; thyroglobulin_1; PRO_RICH	17q11.2-q21.31	CHLC.UTR_02433_M6240 3; D17S800-D17S930	2008



Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
80	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Mutant desmin	COILS	2q35	AA180778; D2S164- D2S163	2156
81	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu Cystatin C	Cystatin	20p11.21	SHGC-11944; D20S184- D20S106	906
82	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Midkine	NLS_BP; PTN_MK		D11S1361-D11S1357	595
83	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu DESTRIN	cofilin_ADF	20p11.21-p12.1	SHGC-12880; D20S118- D20S184	1566
84	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu NifU-like		12q23.2-q23.3	SHGC-13873; D12S1342- D12S84	1047
85	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	sISG12697; D10S1786- D10S541	519
86	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	EPHRI TYPE-B Receptor	fn3; pkinase; SAM_DOMAIN	7q22.1-q22.2	SHGC-13581; D7S651- D7S477	2170
87	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Transcription Intermediary Factor 1- Beta	ZF_BBOX; PHD; NLS_BP	5p13.1-p15.1	WI-9513; D5S477-D5S651;; Cda0zf05; D5S455-D5S660	2264
89	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Translation Initiation factor 3	MPN_DOMAIN	2p15-q11.2	AFMc025x01; (SGC35444- SGC33819)	1270
90	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	matrilin-2	vwa; EGF	8q21.3-q22.2	WI-12837; D8S270-D8S257	2863
92	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		15q26.2-q26.3	WI-15574; D15S120- D15S_qter	3287

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
94	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Prp8		17p13.3	sts-W58284; D17S849- D17S1828	2786
95	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	EAR-7-2	zf-C4; hormone_rec	3p23-p25.2	sISG38903; D3S3591- D3S1283	2125
96	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu CRP1	LIM_DOMAIN_2	1q32.1	SGC30236; D1S477- D1S504;;SHGC-9800; near D1S306	1910
97	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q37.3	SGC31815; D2S331- D2S336;; TIGR-A004F17; D2S172-D2S206	1615
98	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	RAB-5C	PRO_RICH, ras	17q11.2-q21.31	SHGC-318; D17S800- D17S930;; WI-9338; D17S800-D17S791	1669
100	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	AP50	PRO_RICH; NLS_BP; Adap_comp_sub	3q27.1-q27.2	WI-7927; D3S1571- D3S3578	2042
218	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 5				2534
219	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 14				2704
220	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 24				740
221	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 27				1876
222	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 29				878

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
223	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 35				2720
224	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 40				1845
225	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 43				9390
226	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 53				1268
227	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 59				1417
228	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 62				2677
229	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 78				2242

TABELLE II

Seq ID No	ORF Seq ID No		
1	104		
2	105		
3	106		
4	107		
5	108		
6	109	110	111
7	112	113	114
8	115	116	117
9	118	119	120
10	121	122	
11	123	124	125
12	126	127	
13	128	129	130
14	131	132	
16	136	137	
18	140	141	142
19	143	144	145
20	146	147	148
21	149	150	151
22	152	153	154
23	155	156	
24	157	158	159
25	160	161	
26	162	163	164
27	165	166	
28	167	168	169
29	170	171	
31	174	175	176
33	179	180	181
34	182	183	184
35	185	186	187
36	188	189	190
37	191	192	193
38	194	196	195
40	200	201	202
41	203	204	205
42	206	207	208
43	209	210	211
45	215	216	217
218	230	231	
219	232	233	
220	234	235	
221	236	237	
222	238	239	
223	240	241	
224	242	243	
225	244	245	
226	246	247	
227	248	249	
228	250	251	
229	252	253	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

**Sequenzprotokoll****(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

## 5 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
Ovarnormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 217

20

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

25

(D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:**

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 2674 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

50

cttgaacttc taggatacag aaaagaagat ctaggaaaga agattgcttt ggccttgaac 60

```

aaagtgggat ggagccaatg tggctcttaa agactctgac caagtagcac agagtgatgg 120
ggaggagagc cctgctgctg aagagcagct cttgggagag cacattaaag aggaaaaaga 180
agaatctgaa tttctaccct catctggagg aacatttaat atctctgtca gtggggacat 240
tgatggttta attactcagg ctttctgac gggcaatttt gagagtgtctg ttgacctttg 300
5 tttacatgat aaccgcatgg ccgatgccat tatattggcc atagcagggtg gacaagaact 360
cttggctcga acccagaaaa aatacttcgc aaaatcccaa agcaaaatta ccaggctcat 420
cactgcagtg gtgatgaaga actggaaaga gattgttgag tcttgtgatc ttaaaaattg 480
gagagaggct ttagctgcag tattgactta tgcaaagccg gatgaatttt cagccctttg 540
tgatcttttg ggaaccaggc ttgaaaatga aggagatagc ctctgcaga ctcaagcatg 600
10 tctctgctat atttgtgcag ggaatgtaga gaaattagtt gcatgttgga ctaaagctca 660
agatggaaagc caccctttgt cacttcagga tctgattgag aaagtgtgca tcctgcgaaa 720
agctgtgcaa ctcaactcaag ccattggacac tagtactgta ggagtctctt tggctcgaaa 780
gatgagtcag tatgccatt tgttggcagc tcagggcagt attgctgcag ccttggcctt 840
tcttctgac aacaccaacc agccaaatat catgcagctt cgtgacagac tttgtagagc 900
15 acaaggagag cctgtagcag gacatgaatc acctaaaatt ccgtacgaga aacagcagct 960
ccccaagggc aggcctggac cagttgtctg ccaccaccag atgccaagag ttcaaaactca 1020
acaatattat ccccatggag aaaatcctcc acctccgggt ttcataatgc atggaatgt 1080
taatccaaat gctgctggtc agcttccac atctccaggt catatgcaca cccaggtacc 1140
accttatcca cagccacagc cttatcaacc agcccagccg tatcccttcg gaacaggggg 1200
20 gtcagcaatg tatcgacctc agcagcctgt tgctcctcct acttcaaacg cttaccctaa 1260
caccctttac atatcttctg cttcttctta tactgggcag tctcagctgt acgcagcaca 1320
gcaccaggcc tcttcacctc cctccagccc tgctacttct tccctcctc ccccttctc 1380
tgagcatcc tccagcatg gcggaccagg agctccacca tcatcttcag cttatgact 1440
gcctcctgga acaacaggtc cactgcctgc tgccagtga ctgcctgcgt cccaaagaac 1500
25 agaaaaccag tctatccaag accaggcacc tatgttgga ggtcctcaga atggttgga 1560
tgaccctcca gctttgaaca gagtaccaa aaagaaga atgcctgaaa acttcagcc 1620
tctgttccc atcacatcac caatcatgaa cccgttgggt gacccccagt cacaatgt 1680
gcagcaacag cttcagctc cagtaccact gtcaagccag tcttcattcc cacagccaca 1740
tcttcaggt ggccagccct tccatggcgt acagcaacct cttggtcaaa caggcatgcc 1800
30 accatcttt tcaaagccca atattgaagg tgcccagggt gctcctattg gaaatacct 1860
ccagcatgtg cagtctttgc caacaaaaaa aattaccaag aaacctattc cagatgagca 1920
cctcattcta aagaccacat ttgaggatct tattcagcgc tgcctttctt cagcaacaga 1980
ccctcaaacc aagaggaagc tagatgatgc cagcaaacgt ttggagtctc tgtatgataa 2040
acttagggaa cagacacttt caccaacaat caccagtgtt ttacacaaca ttgcaaggag 2100
35 cattgaaact cgaaactact cagaaggatt gaccatgcat acccacatag ttagcaccag 2160
caacttcagt gagacctctg ctttcatgcc agttctcaaa gttgttctca cccaggccaa 2220
taagctgggt gtctaaaagg acagcttctc tccactcaa tattgccatt tttccaaaga 2280
aacatgttaa aaaaaaaaaa tataagacat ggactagtcc tcattagcat gtttgcatag 2340
caaccagtca agagcattta cactatttct gctgatatac tcaccttaga actgctcaga 2400
40 accctgggtc tttatttttg ttttaattct ttgttgccag tgatgatttt cctattctgc 2460
aaatagtgra tttcctggat tacacatagt atggtttcct gaagtattct gataaatgtg 2520
tttttaaaaa cctcaatata ctttttagaa aaggagcatc tggttatgca taaagcagag 2580
ctaaaactaa atttctttca tgtcctcct acttctcag tgtcaatcag attaaagtgt 2640
gtaatcctaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agag 2674

```

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1500 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```

gccaacacca gcacccgcgc aacgcttttag ggagggcggc tcagggcgccc cggagcagggc 60
agagtgcgtg gagctgctgc tggccctggg cgagcctgcg gaggagctgt gcgaggagtt 120
15 cctggcgcac gcccgcggcc ggctggagaa ggagctgaga aacctggagg ccgagctggg 180
gccctcacct ccggctcccc acgtgttaga gttcaccgac catggaggca gtggcttcgt 240
gggcggcctc tcccagggtg cgccggccta ccaggagctg tttgcggccc agggcccagc 300
aggtgccgag aagctggcgg cttcgcccc gcagctgggc agccgctatt ttgcgctggc 360
ggagcggcgg ctggcgagg agcagggtgg tggtgacaa tcactgctgg tgcggcgctc 420
20 ggaccgcttc caccggcgct tgcgggctcc cggggcccctg ctggcgctg ccgggctcgc 480
agacgctgcc acggagatcg tggaaagagt ggcccgcgag cgcctgggccc accacctgca 540
gggtctccgg gcggccttcc tgggctgcct gacagacgtc cgccaggcgc tggcagcacc 600
tcgctgggct gggaaggagg gccctggcct ggccgagttg ctggccaatg tggccagctc 660
catcctgagc cacattaagg cctctctggc agcagtgacac cttttcaccg ccaaagaggt 720
25 gtcttcttcc aacaagccct acttccgggg tgagtcttgc agtcagggtg tccgtgaggg 780
cctcatcgtg ggcttcgtcc actctatgtg ccagacggct cagagcttct gcgacagccc 840
tggggagaag gggggtgcca caccacctgc cctgctcctg ctgctctccc gcctctgcct 900
ggactacgag acggccacca tctcctacat cctcactctc actgatgaac agtttctggc 960
gcaggatcag ttcccagtgga cgcccgtag cagctgtgtg gcagaggcca gggaaacggc 1020
30 gcggcggtg ctgacccact acgtgaaggt gcagggcctg gtcatatcac agatgctgcg 1080
caagagcgtg gagactcgcg actggctcag cactctggag ccccggaatg tgcgggcccgt 1140
catgaagcgg gtggtggagg ataccaccgc catcgacgtg caggtggggc tcctgtacga 1200
agaggggtgt cgcaaggccc agagcagcga ctccagcaag aggactttct ccgtgtacag 1260
cagctctcgg cagcagggcc gctacgcccc cagctatacc cccagtgccc cgatggacac 1320
35 caacctcttg agcaatatcc agaagctatt ctctgaacgt attgatgtgt tcagccctgt 1380
ggagttcaac aaggtgtcgg tgctgaccgg catcatcaaa gatcagccct gaaagaacgc 1440
ttgctgggag tgtgtcggg ctgcgaacct ttttggccct ttgcgggctt caacaagggg 1500

```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1536 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

10  aaaacttttt tttttttttt caatgtgcaa agtctttttat ttaaaatttt agaagttaag 60
    acttacgacc acctcagtat atgccattcc taatagaagg aggtatgacg gtttcaaact 120
    cgtgcagagc tgcattttca tttacaagtc tctgtaggca ctttagaagt gaagcttggc 180
    ttcaaaatac aaacactggg ggctttggct caacctttta atataaaaaa attcactgat 240
    gtacaaaaat ttgaaagtgt gacaatgaca attatgaaat cctgtgactg aaagtcccct 300
15  cgagtgcact ctgtggtgca catgcgcccg cccacacaaa ctctggcatg gaaacataaa 360
    ctaatgcaaa ccagtgtctac ccagaagcac caacacgtgt gttctccatt ccaccaatca 420
    cagaccagta tctactccaa acatccagta acgaaaacta tggcatcttc ccaggaacag 480
    caaggcaggc ttcttactca cgatgaacca gcacgaataa acccagcaaa aagagaactg 540
    catacttaaa tttaggatag tcattcatga ggatcgtcac aattccaata taaggaacaa 600
20  atccccgggc tctccccaca acatcttttt tctctagcca atgttgtcct tgtttataga 660
    ggcttcggtc atcaaccgca ttattatctc ctttgggtcaa aaacttgata tgcccatatt 720
    gcttttcatg aatcttcaag actcggtgaa ctataggaat ctctcttcct tctatcctaa 780
    aaacaacaat ttctcccact cgtatgggat cttcaactcg atttggtaga aagagaagat 840
    ctctctatg aaatgcaggc tccatgctgc cactgagcac cactacaatc ggactttcac 900
25  ttccagttat taccattaac cccttcaga tcattagtgc cgatgagaca atcattccaa 960
    aatttaggac ttgataatag actgccgctt gttcatccgc cgcacatcgt ccaaaaagtc1020
    tagagacagc atggcgggga cggcgagcag gacaccggca ggggaaaggg cgcgatgacc1080
    agcgggcgga actactggag ctcgggtcgg gctcacactg gacaggaccc cgcagtgtt1140
    gcacttccgc ttccggggcg ggagctggca cggtcgggca cggctcccgc cccccgcgcc1200
30  ccttcgctgc ggagagctga cagagagact cacgaccttg ctagtccagt ctcagggtt1260
    ggctcgccg tgggagggtt ctcacgctct ggctctcgcc tgccaaaaac cgactggacg1320
    ccacttccc cgtcggccc cgcggccctt caccgaggcg gcgaccagg cttagttggg1380
    gaggtgctc tgccaattcg gaagcgggc ctctgtgccc gcccggccaa tcgcgagcaal440
    cctctccggt gtgggcgggt agaagcggtt ccgctgccg gcttgggtat ggggtgtggca1500
35  gtggatgtgt cgtctgaccg taggttctct ggtcga 1536

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2164 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

cgcaaacccc caactcaggc acttggggccc cttttggggc ccctctcgct cctcccttta 60
ggcacctccc tggggccgccc caccgtctcc ccccagtttg ggactgcggc ataagtatcc 120
cagacctcgg cttgcagtag tgtagactg aagataaagt aagtgcgtgt tgggctaaca 180
10 ggatctcctc ttgcagctg cagcccagga cgctgattcc agcagcgcct taccgcgcag 240
ccgaagattc actatggtga aaatgcgctt caatacccct accgccgtgc aaaaggagga 300
ggcgcggcaa gacgtggagg ccctcctgag ccgcacggtc agaactcaga tactgaccgg 360
caaggagctc cgagttgcca cccaggaaaa agagggctcc tctgggagat gtatgcttac 420
tctcttaggc ctttcattca tcttggcagg acttattgtt ggtggagcct gcatttacia 480
15 gtacttcatg cccaagagca ccatttaccg tggagagatg tgcttttttg attctgagga 540
tcttgcaaat tcccttcgtg gaggagagcc taacttcctg cctgtgactg aggaggctga 600
cattcgtgag gatgacaaca ttgcaatcat tgatgtgcct gtccccagtt tcrctgatag 660
tgaccctgca gcaattattc atgactttga aaagggaatg actgcttacc tggacttggt 720
gctggggaac tgctatctga tgcccctcaa tacttctatt gttatgcctc caaaaaatct 780
20 ggtagagctc ttggcacaac tggcgagtg agatatctg cctcaaaact atgtggttcg 840
agaagacctc gttgctgtgg aggaaattcg tgatgttagt aaccttggca tctttatcta 900
ccaactctgc aataacagaa agtccttcgc ccttcgtcgc agagacctct tgcrgggttt 960
caacaaacgt gccattgata aatgctggaa gattagacac tcccccaacg aattttattgt 1020
tgagaccaag atctgtcaag agtaagaggc aacagataga gtgtccttgg taataagaag 1080
25 tcagagattt acaatatgac tttaacatta aggtttatgg gatactcaag atattttactc 1140
atgcatttac tctattgctt atgctttaaa aaaaaaagta gagctctttg gcaaaactggc 1200
gagtggcaga tatctgcctc aaacttatgt ggttcgagaa gacctagttg ctgtggaggat 1260
aattcgtgat gttagtaacc ttggcatctt tatttaccaa ctttgcaata acagaaagtc 1320
cttccgcctt cgtcgagag acctcttgct gggtttcaac aaacgtgcca ttgataaatg 1380
30 ctggaagatt agacacttcc ccaacgaatt tattgttgag accaagatct gtcaagagta 1440
agaggcaaca gatagagtgt ctttggtaat aagaagtcag agattttacia tatgacttta 1500
acattaaggt ttatgggata ctcaagatat ttactcatgc atttactcta ttgcttatgc 1560
tttaaaaaaa ggaaaaaaa aaaactacta accactgcaa gctcttgta aatttttagtt 1620
taattggcat tgcttggttt ttgaaactga aattacatga gtttcatttt ttctttgaat 1680
35 ttatagggtt tagatttctg aaagcagcat gaatatatca cctaaccatc tgacaataaa 1740
ttccatccgt tgtttttttt gtttgtttgt tttttctttt cctttaagta agctctttat 1800
tcatcttatg gtgcagcaat tttaaaattt gaaatatatt aaattgtttt tgaacttttt 1860
gtgtaaaaaa tatcagatct caacattgtt ggtttctttt gtttttcatt ttgtacaact 1920
ttcttgaatt tagaaattac atctttgcag ttctgttagg tgctctgtaa ttaacctgac 1980
40 ttatatgtga acaattttca tgagacagtc atttttaact aatgcagtga ttctttctca 2040
ctactatctg tattgtggaa tgcacaaaat tgtgtagggt ctgaatgctg taaggagttt 2100
aggttgtagt aattctacaa ccctataata aattttactc tatacaaaaa aaaaaacgaa 2160
ccgg

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2256 Basenpaare

50

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5:

```

15 tttgagactg agtctcactc ttttgcccag gctggagtgc agttactaac tttcatatga 60
   ttagtcctcg gtaaatttcc ccatctttcc cggattttct gggggagccg cgggaggtgg 120
   cagctgagcg tgcactacca tgcacagccc tctgtgacca gcacctgctg ttctcttgaa 180
   cgtgtgtccc tgcccgccgt cctggcctca agctcagctg tctccagtac tacacgggac 240
   ccagcaatgc aacggcaggg atggaacgg agggcagctg cctggagaac cccaagtatt 300
   acaactatgt gggcgtgctg tccctcatcg ccaccatcat gctggtgcag gtcagccaca 360
   tggatgaagct cacgctcatg ctgctcgtcg caggcgccgt ggccaccatc aacctctatg 420
20 cctggcgctcc cgtctttgat gaatacgacc acaagcgttt tcgggagcac gacttaccta 480
   tgggtggcctt agagcagatg caaggattca accctgggct caatggcact gacaggctgc 540
   ccctggtgccc ttccaagtac tctatgacgg tgatgggtgt cctcatgatg ctgagcttct 600
   actactttctc ccgccacgta gaaaaactgg cacggacact tttcttgtgg aagattgagg 660
   tccacgacca gaaggaaactg gtctatgaga tgcgacgctg gaacgaggcc ttggtcacca 720
25 acatgttgcc tgagcacgtg gcacgccatt tcctgggggc caagaagaga gatgaggagc 780
   tgtatagcca gacgtatgat gagattggag tcatgtttgc ctccctgccc aactttgctg 840
   acttctacac agaggagagc atcaacaatg gtggtattga gtgtctgctg ttcttcaatg 900
   aaatcatctc ggattttgac tctctcctgg acaatcccaa gttccgggtg atcaccaaga 960
   tcaaaaccat tggcagcacg tatatggcgg ctccaggagt caccctcgat gtcaacacca1020
30 atggctttgc cagctccaac aaggaaagca agtccgagag agagcgctgg cagcacctgg1080
   ctgacctggc cgacttcgcg ctggccatga aggatacgct caccaacatc aacaaccagt1140
   ccttcaataa cttcatgctg cgcataggca tgaacaaagg cgggggttctg gctgggggtca1200
   tcggagcccg gaaaccacac tacgacatct ggggcaatac agtcaatgta gccagcaggal1260
   tggagtccac gggggtcatg ggcaacattc aggtggtaga agaaacccaa gtcacctctcc1320
35 gagagtacgg cttccgcttt gtgaggcgag gccccatctt tgtgaagggg aagggggagc1380
   tgctgacctt cttcttgaag gggcgggata agctagccac cttccccaat ggccccctctg1440
   tcacactgcc ccaccagggtg gtggacaact cctgaatggc ctcgagcctg caacagtcca1500
   aaccggaagg gagaatttat tttttgaaac tgaaggaaat cccgaccttc ctggattgaa1560
   gtgcacactc atggacttta ggtttgaaa cctcctcagc cttcatttgt tcgtggatgt1620
40 gtgagctctg aggggtggccc tgctattcct ctgtgtgcct gtagtgtccc cagcatagggl1680
   gtcttaggca taggggtgaa cagtccctcc agagccctcg ttccaatccc tgccgtcctt1740
   gccctgagg ggccctgacc actgtgagca ggagggtggc agagctggga caaagctgcc1800
   tttgccgctg ggctttcccg gactgtggag ggagcacagg cggggaagct ccacttcaga1860
   cagggtcttg tggggcagga catggctccc attttgaagg gaggtctcca tgtggtccga1920
45 gtgaggtgag acggccctcg tcctggtgtt cctgatcatc ttgaaagggt cttctggaac1980
   tcctgtcccc ttagtcatga gaacagaaag tgcaatattt cttttcacct ggcaggggag2040
   gggggattta tttctgaaag aaaaatatat aaacagatct tctacattta tatttttaaat2100
   cttctgttaa atacactttc cgatattgcc ttgccttttg agctcttgct acagtcgcct2160
   ttgctactgc ttttaagagaa tttacaggta ttgataaaga acaagactgt tttattaaaa2220
50 gctttattca acttgaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 2256

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6:

```

20  atttcccaaa gaaggggtcaa gttcgagatc cctggacttc actacctccg gcatccaggt 60
    gcgctacctg aagatcattg agaagagtgg gtaccaggcc ctgccctggg tgcgttatat 120
    cacgcagaat ggagattacc agctccggac ccagtgaggg gctgtcgag ccaacacccc 180
    ggccctcggg ctctctgttg cagcaccagg ggacacacct gccaaaccca ccagatggag 240
    gggccctccc tggctctctg ccaccctccc agcctctgcc cagggaacccc tgccttcccc 300
25  aggccatctg ctctgccgtc gacactcgtc tcagaagccc ctttcccaga agaggctggg 360
    cttcaagaag tctcgtttct ttgcccctga agtcagtttc aggggaagga tgtgaaat 420
    ttccgtgtag aggttacagc cttttatgct gttgagctcc caggtaccaa aaagcttggc 480
    caacgcttgc cagccagcca gctgcaggtg gcatctgcca cgaaaggaag gccagcctcg 540
    ccaggccagc aggggctgctg ttttgttgcc attttgttga acgttatggg tttatgggtg 600
30  ttccctggaac ttgtctttgt gcattcgttg ctgtttgtgt taccctcact gtccccatgt 660
    cccaccacag tcctacggca ctcaaggaag acttggtag gacgagccct cacccttctt 720
    gtcttccttc ccagcagcgc ccgcagcggg ccatttacac gtcgaggctg gcacctggcg 780
    cgctcggggg ccactgtagc gtctgcctgc tccctggact cgcaggcctc gcctgtggcg 840
    ccttccagg gccagcctgg gtcacgagat gctgtcactc agccagatca gtattgaccc 900
35  accaggggag gtgggggttg gtgagagacg ccagcctcag actttttccc actgagggtc 960
    cagagagcgg ggccacgtgt caccacgtc tgcgcttggg caccgcctc cccaccctg 1020
    tgtgtgttta tgtcatagtt acattaaatt ccattcattg aatactcaaa aaaaaaaaaa 1080
    aaaaaaaaaa aaa                                     1093
  
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2191 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7:

```

10  tgggtttctga ctttatgtac tggtaattta ttgcacaggt ttttctgcat caaaaaagta 60
    tctgctaataa tagagaaaca gttgtgtctg aattcacatt tcccccaac ttctaataaat 120
    atttccccta aaaaagaatc cactcatcta attttaaaga aaatatactt cttacacaag 180
    acaatccaaa ctgatgcaaa atattttatc caagttagtt attttatgca gtagtttccc 240
15  cctcgagact tgtgataacc acatctttta aatctgtaaa taatgttatc aaaataatct 300
    taatctttga aatctcaca aaattttatat ttacaatcc accctgaata tcaaggctgc 360
    aagaataaca caacatttcc tatatccaaa tattttacag ctgtacccaa aaaggaaaaa 420
    gaaaaaaaaa acaaaaaaaaa acaaccaaaa aaaccacac atgcttgggt aagggtctaaa 480
    gttacccgag cagccaaaaa taaaataaaa tatccaaatt attagcatta atttaataca 540
20  attataactt caatagtcac tttgtcattg acaatgattg cttgatcaca ggggtgagtg 600
    ccccaagggc tggtagtaga agctgttgct gcagaccagt gtctctctt cctgcactg 660
    ccagctccta cctgtgcac gccccatata tactgggtgt gtatgtgtgt gtgtgtgtga 720
    gtgtgtttta aaaatctgtc ccaccacaca aacttctctc tataaagcag ataacaggga 780
    agaacaataa caaaagcaaa acaagccaat tgctctctct tgggatatg attatttccc 840
25  ttgtgaatga agtattcaac aacataagaa aaggaaaaga acgatttctt ttgtatactc 900
    cctaaacaca cagagtttac tgggtcagat ttaactgtga gcatttatat gcctacttcc 960
    aggcacgtc atctgatgtt tcaactgtac tgggttcggt gtctgagtc tcaaactctg 1020
    ctttgcaagt gcttctccaa ggggagaaca gactggaact gcggctctgc aagaagccat 1080
    tctttccaaa gccatttctt ctgagctgct ctgtcttcat gtggaactct ttgagctcat 1140
30  cctctgtgag gggaaggcaa ttctcatcat ttccaggata ttctgcca cccatagctt 1200
    tcaataacct gtgctctgct tctagagagt gtgagagaac ctcccttct tccactacag 1260
    ggagggcaag accattttga tgacagcctt cctccctatt tcccttgggt tcagggtgtg 1320
    tgttgtcctc caaatcttcc agcttgtcac agtctctatt ctctgagaag tctccattcc 1380
    ggteatcctt cagagtttcc aggaactcac tcttctgtc ggtggttcg cggtcaact 1440
35  tggtcagacg agaggagctg atctcaattg gaggggtggt gctggaggga ctctcttgg 1500
    gagaactcag agctgcacca ctagccagta ccactggttt ggtaacagag attggactgg 1560
    taaaagcaga ctcccggcta gaggaagggt atcctgactt gtgctccatc ctggttagct 1620
    tccatgcatt aggccttgaa ggaggtggtt caggcttagg aaccagggtt ttatagacac 1680
    ttggaaccac ggatgacaat ttgttcccat ttgcatggtg agatcctggt gaggtgaatg 1740
40  cagcagagaa ggcagcagca ggatcctctt tggaaacttt ttgataact agcatctgg 1800
    agggttgctt ggcactaggc ggggtttccc atactccaga aggtgtccca ataggtctg 1860
    atggctgatg ctgtttgcca gcttctggat tcaaggaagg aaagtcctcc tcttcaaa 1920
    gcaacttttc caccttgtct tctttctttt ctccctaatt ctccataggt ggcttttct 1980
    gaaaagcaca cctttccgg gagtggagc tgccattcca atggcgatg ttccctgtgc 2040
45  cacctccact acgttggctc atgccatcat gacctcggga agagctatgc caaccagatg 2100
    ggttccctgt gattccagca tatgtccct tagagacacc agagtccaca gaatcatggc 2160
    ggaacaggga gggctggtgc caagaatctc c 2191
  
```

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 734 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8:

ccctggccaa ctttacccca ggccctgcc aacctcacctg cacgctaacc ttcacctccc 60  
 ccgcccgcct gcacctcac cccccctggc caacttcacc ctgggctgtg cccccctgcc120  
 accccagggc tgagggtggc tgagtgccca cttccagact gggccactgg cacctcgagg180  
 20 gcatggggag gacctagcga tcccccccca ccaggcata aagagccacc caaggagctg240  
 gacacggcct cctcgatga ggagaatgag gacggagact tcacggtgta cgagtgcccg300  
 ggccctggccc cgaccgggga aatggagggtg cgcaaccctc tgttcgacca cgccgcactg360  
 tccgcgcccc tgccggcccc cagctcaccg cctgcactgc catgacctgg aggcagacag420  
 acgcccacct gctccccgac ctcgaggccc ccggggaggg gcagggcctg gagcttccca480  
 25 ctaaaaacat gttttgatgc tgtgtgcttt tggttgggcc tcgggctcca ggccctggga540  
 ccccttgcca gggagacccc cgaacctttg tgccaggaca cctcctggtc ccctgcacct600  
 ctcctgttcg gtttagaccc ccaaactgga gggggcatgg agaaccgtag agcgcaggaa660  
 cggttgggta attctagaga caaaagccaa ttaaagtcca tttcagacct gcggaaaaaa720  
 aaaaaaaaaa gggg 734

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

5   gagttctctc tggagtctcg agcccgggaa gtgcgctttg gtgaacctga gcaagggtggg 60
    cgagtattgg tggaaacgcca tcctggaggg agaagagccc atcgacattg acaagatcaa 120
    caaggagcgc tccatggcca ccgtggatga ggaggaaacag gcggtgttgg acaggcttac 180
    ctttgactac caccagaagc tgcaggggcaa gccacagagc catgagctga aagtccatga 240
    gatgcagaag aaggggtggg atgctgaagg ttctcccttc cgaggccagc gattcgaccc 300
    tgccatgttc aacatctccc cgggggctgt gcagtttaa tgaccagaag gaaaggaaac 360
10  cctcgccggg ggggaggcag agccttatcc tgggctgccc ttcttggttc cctgcattcc 420
    agggacttgc tcgtcttgtt tacccttagc catcctttct ttcaagggtg aaccaggcct 480
    tccaccctga ccttgcatct ccagactgtt ccagagaagg tgcggggcca gctgctatgt 540
    ggtggccgct gtggctgaca ctgagtgaag gtgtttgaaa tgcaggagag gatatcccag 600
    caaattggga tcacatgctt ttgtctccac agcaaccagc cactgcaggc agcatgtctt 660
15  tcctcccttg ctctctgctt gctgttgtt ggactctcag gcgaagtga gtcattgaag tgtgtgaagc 780
    tgggatgtgg agttgttgct ggactctcag gcgaagtga gtcattgaag tgtgtgaagc 780
    tctgtgcttg catgagggca agcaaggaaat ggctgtgcct gaggctgctc tgggaaactc 840
    cttgccccct gacctctttt gagagcattc acgtggtctt cttgctcadc cccttataaa 900
    tgtgctttgc ctgcctcagc ctcatggcca gagcagtggg gactggagcc ctgtttgcac 960
20  gttctagttg ttcggagaaa gcctagggtt tgggctcagg tccagatgca gcggggattc 1020
    tgttctctga ctgtggcgac cttgctttgg ttcttggtga agtgaaccaa gcccgccac 1080
    cacgcatggc atgctgtgct tggctcccc ctaagcgtcc tctttgggtg caggtgtca 1140
    aagtgtgggc aggagtgagg agctggtgcc ctgaggagga gaccacagca tgtccatcag 1200
    ctgacagagc ctcgacagcc acaagctctg agaagctttg acctgaagg gcttctggga 1260
25  gaggaggaat ttctgcatgg ggcgtgaagg cacactgtcc caccacaact gaaccagaag 1320
    agagtgaaga ctccctctt cccatcctct gtgccagggt ccagactgtg ctcttggaal 1380
    cttatggccc aatcttacct gttctccagg gactggtcac tgcctcagga cccccaagcc 1440
    tatgccctga gccatggctg ctgactgact ccagccaagg tgcaaagacg agattatgag 1500
    acaggctctc aggcctgtgt tccaagtact cacaggggct ctgggtgccc atcgccggga 1560
30  gtatggttca gctgccaccg gcactgtcca ttgacctgtc tgtcaagctc agagcatgga 1620
    taagccacac agcagggcag tgcacctggg caccatgcac ggccagcaag aatcaaggcc 1680
    cgcagatgct aagagggcct attgtcaggg gaagggtccc gctcctgcac actctctatg 1740
    gatacttggg ttgtgggggc tctcttgagg agtaagtttg tggtttgttt ctggttraca 1800
    gtggtggctg acacccttg taagaaagca ttctgggaa gtcttctgtg ggtccaaaca 1860
35  tgttgctccg atcatcacag gagagcaaaa ggccctagat acccctttg gaatgtgaga 1920
    gtcttggtgt ctgatatatt ccactgagct ggtgaagccc ctctaaagag atctcgacct 1980
    tggggagcag aattcttgtc atctatgagg ggtcctgaga aagacttgtc atttttttc 2040
    ctggagttct tccattgag gtcttaggat ttgcacacca ctgtcccaca agagcttcc 2100
    tgccctaatg aaggaggtct tgtggtgtgt gtctcctctc ttctctatag ttcccgagtt 2160
40  ggccccatt gcagcccca cctgtgggt agtctccag aagtgatgca gtggtgtgag 2220
    atgccctaca ccttgttatt tgggagactt tgagagtcac tcaactccat ggtgactagt 2280
    gtttgttttg cctgatttta tattctgtgt tgcaattctc ccaactccct gccctgcttt 2340
    aataaacagc aaaccaatat ctaggaagaa tgactgaggg atagtattgg gtattggccc 2400
    catggcagga acagccactt gcactctggt ccggtgccac actgcgggtc ttggtgtggt 2460
45  tgtggagcct gtccctgcgc gccttgctcc cgttgagcca cgtgtctgg tgggtgattc 2520
    tctgccctga gccaccacc tggactggcc cagtctccag agctggcaca ccctgcctgt 2580
    tttctcttt tagacacaac agccgcagtt tggccagcca ctaagtcca ccagctgagg 2640
    tccgagggaa gcgggggtgac tcatttcctt tgtccagggc ccgaggagag tgaggtgtcc 2700
    agcctgcaaa gctattccag ctcttggtg ttggtttgca ataaattggt atttaagcaa 2760
50  aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 2802

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1011 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

20  ggcgcacgta atcgccgagg gcacgtgcat gccccctggt taagagttgc aggtagcggg 60
    agcgattgga cactctggat cgagtagtaa agcccaaac gaaaagagcc aagagattcc 120
    ttgagaagag agaaccgaaa ctcaatgaaa atattaaaaa tgccatgctg attaaagggg 180
    gaaatgcaaa tgcaacagtg acaaaagtac ttaaagatgt gtatgcactg aaaaaacccat 240
    acggtgtact atataaaaag aaaaatatta caagaccttt tgaggatcag acatcactgg 300
    aattcttttc aaagaagtca gattgttctt tattcatgtt tggctcccat aataagaagc 360
25  ggccaaataa tctagtaata ggtcgtatgt atgactacca tgtgctggat atgattgaat 420
    taggtattga gaattttgtc tctctaaaag acattaagaa cagtaaagt cctgagggaa 480
    caaaacccat gctgatattt gctggcgatg atttcgatgt aacagaagat tatagaagac 540
    taaaaagtct tcttattgat ttcttcagag gccccacagt atcaaataatc cgcctggctg 600
    gattagagta tgttctgcac ttactgcac tgaattggaa gatttacttt cgaagctata 660
30  agttgctgtt gaagaaatct ggttcagaa caccacggat tgaattggaa gagatgggac 720
    cctcattgga tctggttctg aggaggacac acctggcatc ggatgacctt tataaattat 780
    ctatgaaaat gccaaaagct ctcaagccaa agaagaagaa aaatatttcc catgatactt 840
    ttggtacaac ttatggaagg attcatatgc agaagcaaga cctaagcaaa ctacaaacca 900
    ggaaaatgaa ggggttgaag aagcgacctg cagaaaggat aacagaagac cacgagaaaa 960
35  agtcaaaaag aattaaaaaa aattgatgga acttaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11:

```

10 aactctctcc cttttccctc tctttctccc ctcttctct ccttctttct ccttttaagc 60
   attttggtta tttttagtta aagaaaaaca gctttctcca agggcgacaa agtgaactga120
   aggtcagaag gaagctgggt gcgggcttcc tgcaagctct tgctccaaaa cctggaagtgl80
   aggagagggc gctccggagc tctggggaag gttggtgcac acaggggttc cgttgggtggg240
   ggagaagagc cgccagcca cacacgttca ctggattggt gtgagtgggt tccaagcgac300
   tgccatgtgc tagtcactg acatgattga cattaacatt cttggggggc attaaattaa360
15 ggaatgacac agggagcaa gagagtggct tattcggtg gattctgaat cacaatcagg420
   aaatagtctt tatctggtgc aaccataatt tcatttttct tggagcgaat tcgaaggaag480
   gtgagatcgt tctgggggtc gatgtcacgc acgggtgctc gtgccttcag gatgaagctg540
   tgcatagggc tggcactact ggtggtggtg gggttgtcca tgggtgctct gatgggaatg600
   ccttctgtgt tcacgacgat gattccctgc actcccttct ggctctgcag tcgcttcagt660
20 gtctctcca cctctgccat ttccgaccga tccggtagcc ccgcgtagcg aacacttagc720
   gagtctgtg cctttctgcg                                     740

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1159 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA.

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12:

```

50 cacggctgaa ggacaagagg tgggtgccct gtgctggggg ttttggtgg tccaacaacg 60
   tccgacgctt tgtgatcgaa gaggttcctg gtgagctcat gcaggaagac ctggcaacgg 120
   atggacgtca tgcttctgga cacctgggac caggtctttg tctgggttgg aaaggattct 180
   caagaagaag aaaagacaga agccttgact tctgctaagc ggtacatcga gacggacca 240
   gccaatcggg atcggcgagc ggccatcacc gtggtgaagc aaggctttga gcctccctcc 300
55 tttgtgggct gggttccttg ctgggatgat gattacgggt ctgtgtttct gaaaaccccc 360

```

```

5  -agccgcct accctgtgggt gggtagagga gccagcgagg cagagaagac gggggcccag 420
   gagctgctca ggggtgctgcg ggcccaacct gtgcagggtg cagaaggcag cgagccagat 480
   ggcttctggg agggccctggg cggaagggt gcctaccgca catccccacg gctgaaggac 540
   aagaagatgg atgcccattcc tcctcgcttc tttgcctgct ccaacaagat tggacgtttt 600
   gtgatcgaag aggttccttg tgagctcatg caggaagacc tggcaacgga tgacgtcatg 660
   cttctggaca cctgggacca ggtctttgtc tgggttgaa aggattctca agaagaagaa 720
   aagacagaag ccttgacttc tgctaagcgg tacatcgaga cggaccacgc caatcgggat 780
   cggcgagcgc ccatcaccgt ggtgaagcaa ggctttgagc ctccctcctt tgtgggctgg 840
   -ccttggtt gggatgatga ttactggtct gtggaccctt tggacagggc catggctgag 900
10  -gggtgcct gaggaggggc agggcccacc catgtcaccg gtcagtgcct tttggaactg 960
   tccttccttc aaagagggct tagagcgagc agagcagctc tgctgtgtgt gtgtgtttgt 1020
   tctttttttt tttacagtat ccaaaaatag ccctgcaaaa attcagagtc cttgcaaaat 1080
   tgtctaaaat gtcagtgttt gggaaattaa atccaataaa aacattttga agtgtgtaaa 1140
   aaaaaacgag ctcgagccg                                     1159

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2099 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:13:

```

45  acctcttttt cccctttctt tcttttttct tctttgcttt cttcttcttt tttttttttt 60
   taattttgaa tgtattttta aatttttttt ttcaaaataa tgacattagt aaaaatttta 120
   catagcctgt attgaattca cacattcaaa tgaggcttta ccagtaatga tggggattaa 180
   tacagagcta gtgtttggca tttgacttta tctcaaatga gctaactgct caatgaatta 240
   cagaagactc atactctttt tattttttcc tggaaattaa aaaagaaaag ctttactaaa 300
   tattgacata tatattttact ccaaatttta catttagtga aataagaata tctctagtag 360
   ctcagttaac atcaacagaa agcttcaaaa gatgattctg aaaatggcag gcaaaatttc 420
   tttttattgt aggcatttac ttaaactgga aatttggtt tatgcataat aagtcagtgtg 480
   ggtaaaacat ccacattgca gttaggtttc cagtatctag cttttattta ttttttagca 540
   atgacattaa caagattttg ccaggttata aaaatgaggg ctttcttgag aattacttat 600
   agtttccgag ttgaatggca gagcgcacgt agacacatct gaagggtgat ggctgtatct 660
   cccagtactg gaccgggttg ctgaaaagac tcacaccgca ataagaagcc tttttggtgt 720
55  tgtgtccagg tgggcagaag tcacttgatc caactacaga gatattgttg ttatgaaggt 780
   agacaacctg gatgtacttt ccccttctcc ttacggaatt acatcttgat ggcaacaaaa 840
   tcagcagagt tgatgcagct agcctgaaag gactgaataa tttggctaag ttgggattga 900

```

```

gtttcaacag catctctgct gttgacaatg gctctctggc caacacgcct catctgaggg 960
agcttcactt ggacaacaac aagcttacca gagtacctgg tgggctggca gaggcataagt1020
acatccaggt tgtctacctt cataacaaca atatctctgt agttggatca agtgacttct1080
gcccacctgg acacaacacc aaaaaggctt cttattcggg tgtgagtctt ttcagcaacc1140
5  cggteccagta ctgggagata cagccatcca ccttcagatg tgtctacgtg cgctctgccal200
ttcaactcgg aaactataag taattctcaa gaaagccctc atttttataa cctggcaaaa1260
tcttgtaaat gtcattgcta aaaaataaat aaaagctaga tactggaaac ctaactgcaal320
tgtggatgtt ttacccacat gacttattat gcataaagcc aaatttccag ttaagtaat1380
tgcctacaat aaaaagaaat tttgcctgcc attttcagaa tcatcttttg aagctttctgl440
10 ttgatgttaa ctgagctact agagatattc tratttcact aaatgtaaaa tttggagtaa1500
atataatgtt caatatttag taaagctttt cttttttaat ttccaggaaa aaataaaaag1560
agtatgagtc ttctgtaatt cattgagcag ttagctcatt tgagataaag tcaaagcca1620
aacactagct ctgtattaat ccccatcatt actggtaaag cctcatttga atgtgtgaat1680
tcaatacagg ctatgtaaaa tttttactaa tgtcattatt ttgaaaaaat aaatttaaaa1740
15 atacattcaa aattactatt gtatacaagc ttaattgtta atattcccta aacacaattt1800
tatgaaggga gaagacattg gtttggtgac aataacagta catcttttca agttctcagc1860
tatttcttct acctctccct atcttacatt tgagtatggg aacttatgtc atctatgtt1920
aatgtaagct tataaagcac aaagcataca tttcctgact ggtctagaga actgatgtt1980
caatttacc cttctgctaaa taaatattaa aactatcatg tgaaaaaaag taatcaggct2040
20 gaacatttct acaattacta gatgtattag acgtaagtat tttctttagt taaaccacc 2099

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14:

```

ctttaaccgg gcttttaaaag gagtagtaac tgggccagga aaggctcttag aagcgatttt 60
tggaggctag tggacggtgt tctctactg caaatatttt catatgggag gatggttttc120
50 tcttcattgta agtccttgga attgattcta aggtgatgtt cttagcactt taattcctgt180
caaatTTTTT gttctccct tctgcatct taaatgtaag ctgaaactgg tctactgtgt240
ctctaggggtt aagccaaaag acaaaaaaaa ttttactact tttgagattg ccccaatgta300
cagaattata taattctaac gcttaaatca tgtgaaaggg ttgctgctgt cagccttgcc360
cactgtgact tcaaaccaa ggaggaaact ttgatcaagg atgcccacc ctgtgatcag420
55 gaacctcaa atactggcca tgaggaaact aggaggggca ggtctttcat aaaaaggccc480
tttggaaccc ctttcccg cctgtgttt aaggagata gggggatatt ggggcccctt540
cacttgacgc tggccacatt tggtcagtca ttctcagcct tgggactttg tttcaa 596

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16:

```

acaacccccg ccacccaaac ctcccagget tctttttttc tttttttttg ttttttttgg 60
tttcaaagt: ataatgcatg gtttaaaaga gagaaaagga aaaaagacac aaagctgggt 120
30 acaggtctga gggagtctaa ggagagaaaa atagaggag agtaaaaggg ggacaaattt 180
agggaaaatc cagtggccca aaatcccagt atcccacca cagcccagcc cttggagcag 240
gagtgaagaa ttagatcagt tttgtacaag agttttttta aaaaaatcaa atcacaacaa 300
agctgacttg gcttctcttt gagcctcctg gatcacgta tgtctgtcac tctggccagt 360
cctgcctctt cacaacact gattcggctc tcctaggctt ccgcctgtgt cccagtctgg 420
35 ggtttccatg gagtgtgaac acgaagttaa gagtggaggt gcttcagagc ccctggccca 480
tgtgtccatc cagactccaa gtggagtgtg gggctcccag ggcagagagg ggtgggagg 540
gcagaccctg cccaggcagt cctcacattg gacagggcag cagacggcat cccaagggt 600
cgccctccct ttccccccca cccaactca ggtggagggg gagcagctgt caccagagcc 660
gatgttggtg aaggtttcgg ctccagcagc aacgaacatc agcgggtgaa ctgagggcat 720
40 ccagcattgg gagcagggtg agaagggtg tgtcgctggg gtcactgaac caggatttga 780
tggggatggc attgtctgga tggctcctgt aagcccctgg ggagttatcc aggatcacia 840
tgctggagag gtcactgtgg accacagaga ggtccttgat gtagctgcc aactccaaag 900
tgcagtgtg tctgtaatat ctctctttaa gaatgttct gctattgtcc agtttatctg 960
ccacagcaga gccatagatc tccatgcttg ctgtaaacac caccagctcg taccactggc1020
45 tcaccacttc caggaagaaa tccacatggg gcctcttatg taaaaaaac cggacaggat1080
gtttgtctat taccaccttg aggatgaagt caggaggcgt accaggccgg actgtggggc1140
tcaggacccc atcatggtgg gagtgaataa gtgtctcatc cagatccagc accaggatct1200
tcctcttcac ctgggctagc cgattccggg acacaggaga taaggggagg atatcatatc1260
gaacagtttg gtactgaatt accgtgcgga tctgcctccg caaaaggtaa atgaagaagc1320
50 tccagagctt ggcggcgaag gccacgaacg tgcgcagccc cagcagacac tgcgtccgca1380
tcaccccgat gaccgggcac cgccggcccc ggggcccccg cggcccagct ccgcccagcc1440
cccgggggca gcccccgcc gccgggacgg ggcacggggg ccccgagtg caggagacgc1500
tgacagaggg ggcacggagc gggccgctca gaaagccacc cctggcgagg gtaaaagccc1560
gcggaaacgg gagctggggc acaggcgtgg gcagcccgg gggggccaca tgggctggga1620
55 gtggcaccga cggcttcggg gcagggtgcg ggccgagaca ggtagggcta ggatgggggtc1680
ctccgagacc tggagggaag gggaa 1705

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2396 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18:

```

30 caggggtgag tgaaaacagg gtgagtctgg acattctgca gtcagccact gttcttggct 60
   tccaacccaaa agcaaaacta aggcaaggca gagcacagag ggtgctcagg cagaagctgc 120
   ttcccctcct ggtgcagcca ttagctgctg tagtatctgt gacctgtcag aacctgcttc 180
   cttcattttg ggaatatttg accaaacctca gagcaattgc tgttacgagc caaggaggtc 240
   aaagagcaat gtccagtctt cccattctgt ccaagtcaga tttatcgacc atgtttcggg 300
   aaaagggtgag cctcagggat agtttgtcaa tggctgagct aatcacaaaag gtgcctgggc 360
35 aggaatactg gcaccagcca aatttgctt acttggttctg agcaattgag ctttgtttga 420
   agaatgggag gggataaaga agataactga tcatTTTTctc aggtgactga cctgggtgatt 480
   aggagcagcc ttcttggtg cagttaggca aagtctgaat gtcttccctt ctccccccac 540
   cgctctctcc tgccacccca ggagcaacat ataaaaatgt gtagctccag gcatgaaagt 600
   agcttctgtc tacacaatgc aggtcaaaga gaaggaaactg accaggtgtc caggcaccaa 660
40 aataccaggc tggctctagc ccaactctcc ttctcacatg cccacgttca cgcaactaac 720
   tcacagggtt ttggggaaga ctaagacgga gtgaatgtaa aaccactcc cttctgcccc 780
   cgttcacatg gtccatgctg agggaattca gaaaaggaga cagaccggg ggggtgctgc 840
   agtcaaggca agtttctcga aggaaggag cagaactcag gaggacatgg actggaacag 900
   tcagggcaat ttcaggctgt gacaaagctg gaacggacga ctgtagcagg agcaggagtc 960
45 actgacattc taggccaggc cagggctaag ccagagaacc tattaatagt aatccacaaa1020
   tagatatggg gcacctccta ggaactctcc ttgttccaag cgtcgtacct cgtgtgatcc1080
   ttagcggtc tctgaagcag acagaagagg gccagccatc tttcttccac ctttgaggct1140
   tgggaagggt gagacttct ggtgacttac aactccatca aaggggcatg gtgaaataag1200
   ggcctgggct cctgacttct gggctagggc tcttccaaag gcagagtctg gagaggcctg1260
50 gctgtggcca gaccatggg caagtggcta gaggggagag tagacagcag aggcagctgt1320
   ggccccggg attagcactg ggggaccgga tgggggaggg aggcctcact ttgttctatc1380
   tgagcagctt cctcggcagt catgggactg attgagacca cgcgagggtc cctcccgggg1440
   gcaggaggga ctcagaggct gccccgttgt ctgggggtgg ccctggcgaa ggagctcatc1500
   ttcacgggcc gacgactgag tggaactgag gccacgtac tggggctggt gaatcacgct1560
55 gtggcccaga acgaggagg ggacgccgcc taccagcggg cacgagcact ggcccaggag1620
   atcctgcccc agggccccc atgccgtgcgg ctgggcaaa tagccattga ccgaggaaacg1680

```

```

5 gaggtggaca ttgcatctgg gatggccatt gaagggatgt gctatgcccc gaatatccca1740
  acccgggacc ggctagaggg catggcagcc ttcagggaga agcggactcc caaatgtgt1800
  ggcaaatgac ccccatttta accttcagca tgggagatgc atgccctgaa gagcaggatc1860
  cagaaggaag atttgtggcc agattgcctt catcatttca cctctccaga cttccatttc1920
10 ttcacaagga tgatgatgga aataaaatga ctggcgtgat gcctggaacc aaggtgctga1980
  tcctaccacc tactgctacc ttccttagct tcaccctggc tagaaataat cacgagggtt2040
  gggtttgctt tggaaaatgc ctgtctctct acttgaatga taaagaatta aattagatat2100
  ctctgaaaaa tggatcatt ggctctcagc ccctgacctc tctcagttat caggcactca2160
  ttagagatgt cagaagattt taagataccc ctagtctctt cctgtgaaca acagaggtaa2220
15 taaataaact ctgacatcgg ttgaacatgt gtcaggggtc agactgcaga tcccagcttc2280
  tgccagttac ttgctgtata accgtggaca aattgtttaa atgctctggg cctcagcttc2340
  ctcacctaca aaacaaaact tgtgaagatt tagcaaaata aaaacacttc atattc 2396

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 869 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:19:

```

40 ggcgagtcgg gcgccaagcg cggggccgga gcggccttcc cggagtcctt tgcgcggcac 60
  ctggcgacaa aatggctgcc cgaggagagc gggcgagct cagggccggg aggcctccgg120
  ccccgcgggc ggtggcggtg gcgggagccg ttgggctgag tcgggatcgg ggacgtcgcc180
  cgagagcggg gacgaggagg tgcgggcgc gggttcgagc ccggtgtcgg gcggcggtgaa240
  cttgttcgcc aacgacggca gcttcctgga gctgttcaag cggaagatgg aggaggagca300
  gcggcaacgg caggaggagc cgccccggg tccgcagcga cccgaccagt cggccgcccgc360
45 cgctggcccc ggggatccga agaggaaagg cggccgggc tccacactta gcttcgtggg420
  caaacgcaga ggcgggaaca aactagccct caagacggga atagtagcca agaagcagaa480
  gacggaggat gaggtattaa caagtaaagg tgacgcgtgg gccaaagtaca tggcagaagt540
  gaaaaagtac aaagctcacc agtgcggtga cgatgataaa actcggcccc tggtgaaatg600
  acgccccctc cccacctgcc catggcctgg gactctctgc gatgtacata actattttaat660
50 gcagcggcag gggcgacagc ttccctgaga ggacttaaaa gcagaaggaa accgagatgc720
  ttcccgcagc cgtggacgat tctccaggac tcttttttta ccttgagcac ttgcctcgtg780
  agaccttcaa tagaaccag tggggtttac tgtgcccccc cgtttttgac cttccttaat840
  tgttttgggtg ggtttttgct tgcctttgc 869

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1462 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20:

25  
aagaaagggc tagtaagttg gtgaaatacc tgttggttaa ggaccagaca aagatcccca 60  
tcaaacgctc agacatgctg agggatgtca tccaagaata tgatgaatat ttcccagaaa 120  
tcattgaacg agcaagctac actctggaga agatgtttcg agtcaatctg aaagaaattg 180  
ataagcaaaag tagcttgat attctcatca gcactcagga atcctctgca ggcatactgg 240  
30 gaacgaccaa ggacacaccc aagctgggtc tctctatggt gattctgagt gtcatcttta 300  
tgaatggcaa caaggccagt gaggctgtca tctgggaggt gctgcgcaag ttggggctgc 360  
gcctggggta tgatttgggc tctctcagcg cttgctgtcc gtgttgctct ttggcaagag 420  
aggacgggcc taggattgca tcagtctggt ggtctggtgg agcgggtggg gtgctggact 480  
gggtagaggg ccaggggttc tgacctgggt ggatgatggg tgaatgggcc tgaactctct 540  
35 gctccctctc tcagtgtctc ttgggcttct atggagcttc cctcttgctc tggaaacctc 600  
ttttccatct tggaaatgcc tctgccaca tctgggaagt gccatagcct tgagtgcact 660  
tctctcagga tacatcattc actctttggg gacgtgaaga agctcatcac tgatgagttt 720  
gtgaagcaga agtacctgga ctatgccaga gtccccaata gcaatccccc tgaatatgag 780  
ttcttctggg gcctgcgctc ttactatgag accagcaaga tgaagtcct caagtttggc 840  
40 tgcaaggtac aaaagaagga tccaagga tgggcagctc agtaccgaga ggcgatggaa 900  
gcggatttga aggctgcagc tgaggctgca gctgaagcca aggctagggc cgagattaga 960  
gctcgaatgg gcattgggct cggctcggag aatgctgccg ggccctgcaa ctgggacgaa1020  
gctgatatcg gacctgggc caaagcccg atccaggcgg gacgagaagc taaagccaaa1080  
gccaagaga gtggcagtc cagcactggt gccagtacca gtaccaataa cagtgccagt1140  
45 gccagtgccg gcaccagtgg tggcttcagt gctggtgccg gcctgaccgc cactctcaca1200  
tttgggctct tcgctggcct tgggtggagct ggtgccagca ccagtggcag ctctggtgcc1260  
tgtgttttct cctacaagtg agattttaga tattgttaat cctgccagtc tttctcttca1320  
agccaggggt catcctcaga aacctactca acacagcact ctaggcagcc actatcaatc1380  
aattgaagtt gacactctgc attaaatcta tttgccattt ctgaaaaaaa aaaaaaaaaa1440  
50 aaaaaaaaaa aagaaaaaaa ag 1462

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1676 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:21:

```

gcgttcctcg agccggcccc aggtcaccgc cagcacgcgc ctgcttcccg tctgcgcgag 60
tccacgcagc tccccaggcc cttcaccagc acagcagcag caggcatggc agcaagcgtg 120
25 gagcagcgcg agggcaccat ccagggtcag ggccaggccc tcttcttccg agaggccctg 180
cccggcagtg ggcaaggctcg cttctctgta ctgctgctgc atgggtattcg cttctcctcc 240
gagacctggc agaacctggg tacactgcac aggtggccc aggtctggcta ccgggctgtg 300
gccattgacc tgccaggtct ggggcactcc aagggaagcag cagcccctgc ccctattggg 360
gagctggccc ctggcagctt cctggcggtc gtggtggatg ccttggagct gggcccccgc 420
30 gttgtgatca gtccatcact gagtggcatg tactccctgc cttcctcac ggccctggc 480
tcccagctcc cgggctttgt gccagtggcc cccatctgca ctgacaaaat caatgctgcc 540
aactatgcca gtgtgaagac tccagctctg attgtatatg gagaccagga ccccatgggt 600
cagaccagct ttgagcacct gaagcagctg cccaaccacc ggtgctgat catgaagggg 660
gcggggcacc cctgttacct ggacaaacca gaggagtggc atacagggtc gctggacttc 720
35 ctgcaggggc tccagtgaag cccagcactg ctgcaggggg tgggctgcct gcctgctctg 780
agctctctct tgcacgctct ctcttctctc ccaggctctg gctcatgcac atgcaacagg 840
tgctctctgt tatatgtctg ggttcttctc ttttgtggtc tgtttgtctt ttctacctct 900
ttctcttgca gtgatagact gagggggtaa aatcaagaga aaaaactctc aggaatcaag 960
gaacataatc ctgtggaggg taatccatta catgagcttc tcctgttctt ccactttcctt 1020
40 gcctggcttt cactccttcc cctgctctgc ccagccttc cctccccacc actcctcctt 1080
ctgcaaatgc cctgaaggcc agcccttacc ccaacaccca cttccccacc tccttaggcc 1140
ccagatacat acatgcccac atgcacgctt acatgtttag agccatcctt gtttccaaat 1200
atgacccttc gcttgagggc aactgcatag gtacatctaa ctctggactg gcatgcacat 1260
tgctcatgtg agctttgcat atacacacat gcatacatga gcctccacac aagcacttgc 1320
45 acacatgtgg actcctaacc atgctaacct cactggctgg gaaggtgggg accccatggg 1380
ccagcccttg caggaggccc ttttgcaagg cttagggtgt ggccagccct gaaagctact 1440
tggaacacag tttcagctgg cccagcccca gaagtgacct ccagaaaggg agggccaccg 1500
ctttgcccc tgcttttacc cttccttctg ggtgctctac acctcaggtt accaggcctg 1560
aggcatctca gccaaagctt tttcctgctc tgaggcttgt ggggtgggag ccagagtggg 1620
50 ggtcggtgaa ataaagtgat gcaattagaa aaaagaaaa aaaaaacaga cgcggc 1676

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 602 Basenpaare



- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:22

```

tccaccatta attgggggtt tttttccctt cctttctttc cacagcactt tggatatcca 60
ggcagcggct tccttttgge gatattaaat aaaaaaacga aacaaacagt gggaaaaaag120
25 taaatgaagc ccaactacct aaccctttct tatttgatt tgtttagta ttgtgaagtt180
gtgttaaata gtactagcta gaaatacaaa tttctgggta tcatttctct tccctgtggc240
acttgacatt ttaattgtct taaagttttt gaagtacatc ttctggcccc ttgagtactg300
ccagaggcaa aagatgtttg tttcttattc attccacttt tgtctcctgg gatcccttct360
gtagcctaaa gtatggctgg gaaatggact tgagaagatt ggcttgaatt agatcataat420
30 catgtgtgat cccatcatga attcattgga atttgtgttg catgtaaggc aatctttcct480
gttgtaaatc ttcctttttt aatgtacata tattttgaaa aatatgaata aacatgaaat540
tttaaaagct gctgaaaaaa aaagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaaaaggag600
at
602

```

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23:

aaagatgggc tatattatat ctgtaaccta actgaagtgg tcaggtacag aataagacac 60  
 tgatgcaaga agcagagagg taaaatcagg atcaaagccc tgagtagacc acagagatgg120  
 10 atttaataca caaattgatg tgtgagtcct tagataaaag tagggacagt tcatttggtal80  
 aaataaaatg tacggtagaa tacgaagtta caaatcacgt tgcctttccc tcaacaaata240  
 catacatata ctaacttaac tggctttcca ccacgcatga tttaatgcca aaattggttac300  
 aatgggtccgt aagatccttt acatcccggg cagtgcatac gttctctgac ttgtata 357

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 656 Basenpaare  
 20 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 25 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24:

40

tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgccccg 60  
 cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120  
 ctcctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacagt gtctgtggct180  
 ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240  
 45 taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300  
 tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggcgggg360  
 gaggggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420  
 ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480  
 agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540  
 50 ccactgtccc ccaccccatg gctggggagg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600  
 cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 656

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 745 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:25:

```

25  gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
    gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga120
    ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag180
    cagccccag gcccggagga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240
    gcccattcct acctcggagg tggaggcccg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc300
30  aacaccaacc gcccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtagcaaa gctgcagaat360
    tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420
    tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggaccc aggacaggat480
    ccaggccggc ttgccacacc ccccaccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga540
    ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct600
35  gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660
    gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagccacaa aaaaaaaaaa720
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 745

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 843 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26:

```

gtcacacatt ccaggacca aatccgtaaa caciaagcat gtccgtcagt gccagcacct 60
ccccccggct agtcaagcag ctgtcccaga gggcaaagg tctctgcagc catctgcttt120
catcagggct gcagccccca ggcagcagta ctgggagccc ctctcatctc cgagaataaa180
15 ctctgaagcc agcgaccctg cggacctgaa tcatcaggga gcctgtcaga ggaggggcag240
tgactctgcg ggacaagcaa gcaggctata taagtttcag aaggctgggc tccactcaga300
tcttttccag cagctgctgc ctgccagaga ggcgccttca gagaccagc gcttacacaa360
taccaccat gtcccaggct ggtgctcagg aagccctat caagaagaag cgccccctg420
tgaaggagga ggacctgaag gggggccgag gaaacctgac caagaaccag gaaatcaagt480
20 ccaagacctt ccaggctcatg cgagagtgtg agcaagctgg ctcgcccgcc ccgtcggtgt540
tcagccgcac ccgcacaggt accgagactg tctttgagaa gcccacagcc ggaccaccca600
agagtgtctt cggtgagaa gtgtgcgcca ctccccttgc tgcccgaatg ctcggaaaca660
ggagccttac ccaggaactc ttttttatgc cagaacgctt cctctcccct gctgtctctg720
gggctgccac cctccccac agtccaggcc cttcagccaa gggctctgca ccagcacctt780
25 ggaagcacca ataaagagga tgcccacgtg gcccagcaa aaaaaaaaaa aaaaagtcg840
agc 843

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1217 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 35 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27:

```

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttggtcatt ttatgttaag 120
ggaagaattc cagggtatgg ccatggagtg tacaagtatg tgggcagatt ttcagcaaac 180
tcttttccca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg 240
5 atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat 300
gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccatgaata tttgttatgt 360
agataacaag acctcagtcg cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa taggggtctaa 420
ctcagcaact cgcttttagt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac 480
ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctgggtgaagc tcacttctgg 540
10 gcttcactct gcaacatctt tatccgtagt ggggtatggt gacactagcc caatgaaatg 600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt 660
tccctgcctc tcatcaactg aatgagggtc gcatgtctat tcagcttcgt ttattttcaa 720
gaataatcac gctttcctga atccaaacta atccatcacc ggggtggttt agtggctcaa 780
cattgtgttc ccatttcagc tgatcagtg gctccaagg aggggctgta aaatggaggc 840
15 cattgtgtga gcctatcaga gttgctgcaa acctgacccc tgctcagtaa agcacttgca 900
accgtctgtt atgctgtgac acatggcccc tccccctgcc aggagctttg gacctaatcc 960
aagcatccct ttgccagaa agaagatggg ggaggaggca gtaataaaaa gattgaagta 1020
ttttgctgga ataagttcaa attcttctga actcaaactg aggaatttca cctgtaaacc 1080
tgagtcgtac agaaagctgc ctggtatata caaaagcttt ttattcctcc tgctcatatt 1140
20 gtgattctgc ctttggggga ctttttctta aaccttcag ttatggattt tttttttca 1200
taacacttaa ttgggaa 1217

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 977 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:28:

```

gagaattccc gccatccacg tcttcaaac caaaccaacc ggtcccggcg tgctttgcca 60
50 tcttgccgta caaaagcatg gcggcgctca gggccccgcc ctgatcccaa gatgcaccgg 120
ggagtaggtc cggcctttcg ggtggtcagg aagatggcgg cctctggggc ggagcgagg 180
tcttggtaca atacttggtg ttacgaaagg atctatcaca agctccgttc tcctggccgg 240
cgggcgctact ggtagcgag gcttgtcacg cggccaccgc ggccttgac actcaccg 300
accacccgca cacagccgct tacctccaag agctggggcg catgcgcaa gtggtcctcg 360
55 agggcccaga tgagaccacc ctaaaggagc tggccgagac cctgcaacag aagaacattg 420
accacatgct gtggcttgag caaccagaga atatcgccac ttgtattgct ctccggccct 480
accccaagga agaagtgggc cagtatttga agaagtccg attgttcaag taactgctgc 540

```

5   tttgatgtgt ttgaatacgc aggccaccca ttccaaagca tcatgtgttc cttgcagtgt 600  
 cagcttgctc ccgtctttca gttgtgacaa tttcttgagg gttaagcaca tggtcatatt 660  
 aaagtgttca ttaataacta ctctctctta ttaataagtt caagtgggga aggtgggaga 720  
 gcagtattgt ctggggatca ttgctcaaat agaagatttg gttagactct cctgtggggc 780  
 tcaaggaaac tcccttcag tcaactcggg ttgaaacttt gcttttgaat tccttcttac 840  
 tcacatccag ttatcatatt tcattgaatc taagataaca tcaactttaa gatgcggtag 900  
 tatttcattgt attgttaaaa aatatgccgg caaatataac acttgatttc caataacaaa 960  
 gatgttaaaa tatcaaa 977

10

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15   (A) LÄNGE: 556 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20   (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25   (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30   (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29:

35

gggacccgca aggacccggg accgccgctc ctgcgcgcgt cggactcccg ccccgctgcg 60  
 aaccggctcg tgcgccctc gccgcgctcg ccctggcccg ggagcgccgg gagcggggcc 120  
 gctttctctg tccttgtaaa tgttattttt ttaactcttc ccagtgcgaa ctctgctgtg 180  
 agtgtgtgcg gggaggcgcg cccgcgctga gtcggcgcg ggtagccact ccattgccct 240  
 40   gtccgatggt ttgcaactcc gattttgcac accgctccac cgtgcccccc agcgcacacc 300  
 cattcacact cacgccaaca ctctcgctga acacttttat aattgttagg cgtggccgtt 360  
 gggactttgg ggcgagcgcg gctgctactg cgtctggagg attgatattt attttgcat 420  
 tgcgatggct gaaggcattt atttaacgat ctttttacct ggatatgtct gtgaggctcc 480  
 tgaaaggaga caaataaagt caatatattt gcacagtgca aaaaaaaaaa agaaagaaaa 540  
 45   gagaagggtt gagaaa 556

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50   (A) LÄNGE: 2169 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```

20 caaactgttc gcaagggcag cagctggcga ctttctccag tgactgggaa atccaggaag 60
   acagtaggct catgtgctcc tcggtgcaga aggccttggt tgaggaggag gaccacgtca 120
   agaaactgca gcagaaagtg gccaccctgg agaagcgcaa ccggcagctc cgggagcgag 180
   tgaagaaggt caagaggtcc ttgcggcagg cgcgtaagaa gggccgccac ctggagctgg 240
   cgaaccagaa actcagttag aagctggcgg. cgggcgcgct gccgcacatc aacgcccggg 300
   ggcccgtgag cccccctac ctgcgggggt aacgggcctg ggggctgccg ggtgtgcagg 360
25 gccaatcctg gcgtaattg agaatgagt aggtttcgta catgcagcta tttcaagggt 420
   tgtaagagt tttgttttta atcacgcatt tggtagagtc taaatggata aaatgcaagg 480
   cttgctttcc ccttgggtgc tggcctcaat gtcagacccc acgcgctgcc ccttcttggc 540
   ctgacccag acgcagtgc tggcagcca gaggcagtgg gatccctgag tgctgaatgc 600
   tcgcctgcag agcagcccag aaagagccct gactggggag agaacatttt agaatctcta 660
30 gtgtaaaaga catcaacgtg cttagccttt atttcagaaa aaaatcaggg tggttcccag 720
   ctccccagtc caggacaacc attagtctct atgagtgagc tgacgctggt gctggaacct 780
   gctggcacct cactggccac atctttggaa ggggatgggt gccttgcatc caagatgcct 840
   gaaaatcagc acgtgcaggg cctccctatc cagccagcat tttccttcca gctgaggcag 900
   gtgaagact cataagctca tcacagggga gggaattagg agcagggcag caggtaatta 960
35 aacaagataa attatacctg atttccaaca ccagctaca agagtgaag atgataccta 1020
   tgggtcgcgt taacacaggg ggcaactgcc ttgatcggcc tgccatgggt catcagactg 1080
   cttcctaaat tgagagaaac tgagcaatct ctacgccact gctatagtct aacttcttgt 1140
   ttgctgagta attgtttcta atgtctctga actcaaagt aggtgctcca agacgctgtg 1200
   aacttctgca aagacacctc cttacctact gggatcacgt gacctgacct cactccagc 1260
40 caggctccca aagggctcat tccagccatt ccaatctctt cttctttatg caaacacttt 1320
   tccccacaa caagccttgt ttgttccgat aggaatacgt gtacgtcagt gcacttgtcc 1380
   ttacgtcagt tccttacacc accaaagcac ttcacctttc tggaaataaa acttttaaga 1440
   cactactata agtaaaaatg agagtattca ctgacttat tgctcaggca catttgagt 1500
   ggtcccagct gtgtgattaa gaagtcaact ggggtggcctt ttctgggtta tcttctgat 1560
45 atggcctttc aacccaacaa gggcccttcc ctgctcttcc accagtaaaag gctcctggcc 1620
   tctcatcagg atctgcccc cagagacccc cccagacact gcagggcctg gtgatgctgt 1680
   cctctgtacc ggaaatggca ggcactgtca gatttccact cttctgcctt taggaaggct 1740
   ggggtgcttc tgctctgaca gccagtctgg ggagatgact cttacgttgc ttgagtctt 1800
   gtggcaggct gctgtccacg ggggagaagt ctctgctctg gactggacag aagagagact 1860
50 tttaccctgg ggcactcaca cggccaagct tctgccacca cttcattagc tgtattctcc 1920
   atagtatggt gaaatagcag gtgcgtcttc tagtttatc ctctgggga catttcctca 1980
   aagcagtttt gcgccccgc aagggaaatg tcagcctaag ggtaatgtac agcccgtgct 2040
   tggagaacca tggaagctac acccctacag gtgcatactg ttctgctttt ccaataaata 2100
   cgagcggcga tttcaaccac aaaaaaaaa aaaaaaagcg gccgaagtta ttcctttgta 2160
55 gggatttta

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 595 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library -

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:33:

aatcaatcga attagacaga tgtttaagtt ttctaattct gtggactatt acccagcacc 60  
 tcagcctggg tgttgagtta gcatcctctg agacactctc tctgtgtcct aaagccctgt120  
 gagtgtgcac tcagtcaggg ctcccttgcta ctgctcctca ccctgggtgct cctgacttct180  
 aaaagtcttg aggggaagaac tgagagtaaa tttgggtag tagaaaataa atgcagggttc240  
 ttgagtagaa atcattgtga gggagcagtg tattgtagaa tgttatgaca atcaatttat300  
 caataaataa gtaatagggt gttggcactg tgcaaatgta actcctcaga gtagcaggga360  
 aaagagaaaa cagtaacaga tctgcagacc cctgtagggt atagttgcaa cccagagaca420  
 gaggtcccct tgatatggct cctaggagac aaaatttatt taaaatggga aatggggaat480  
 ctgttgagag ggtagggggt gggatatatt gcactttggg aaggcacccc tgtatgccac540  
 cttttttttt tttttttcca gtgaaaacac agggcctcct tgtgaacgca gagtt 595

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1089 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH



## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:34:

```

cggacggtgg gacggacgcg tggggttcta gatcgcgagc ggcacccctt tttcccgccc 60
ccagattgat aagtaatgaa agtgcactgc agtgagggtc aaaggagagt caacatatgt 120
gattgttcca taataaactt ctggtgtgat actttcatct tgtaaactctg ctttcttttg 180
10 ggaagatatt gagatattta aatcatggcc caccttacct aaaataggag attctgttca 240
tctcatatct agtattaatt agaaaaataa ctacataaaa agaaggaagc taagaaggca 300
ctcactcagc cataaattct ctaaaccctc tctaccttgg aatccgtgaa tggaaatctgg 360
tatgtttttt gcaggatttt cctattgtaa attgtggcaa atacagggtc cccttcattt 420
15 gcttttcatc tcttatgcat caaagtcaaa aacatttctg tatcaagata atctagaaga 480
gaaaaaagga ggaaaaggaa aagagaaagc agaagggaca aataaaagca attggcaaaa 540
actgtcaata atagttttata cacttaacta tatcaataat cacattatat gtaaatagtc 600
taaacaatcc aattattttt tacttctact tatgttata ttttacttct acatttggtta 660
aaggttccac gctacatttt tactattctt gctttaaata attttaataa tttcttttaa 720
20 agtttagata ataaagaaat atcccgggcc aggcacagtg gccacacctg taatctcagt 780
agccatgacc ataccaatgc actccagcct gtgaaacaga gtgagactct gtctctacag 840
aaaaataaaa aagaaaagaa agaaaagatc tcatatatat acccatgtaa ttttcatttc 900
ctgttttctt cattcttctt tccatctggt gtcacttcct ttctgcctga cgacttcctt 960
taacgttttt tatagttcag gtctgcagga ttctttaagt tttgtatgct tgtttttatt 1020
25 cttgaaagat attttcactg tatattgaat cccaagttgc cacgtttctt ttaattattt 1080
gaaggtagc 1089

```

## 30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2510 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:35:

```

55 cagagtga aa ccttgtgcct ggtgacaaaa gtccctccaa agtgctcttc cttctggggt 60

```

```

attcaagcca aatatctggg tttccccctc tcttcattcc ctagcaaacc ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccatccccct cctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcggtgtat 240
cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctggggtcag ctttcacggt 300
5 cgtttttccc ttcgtcacca cccaccacag cccacctgc tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccagcctg agccatgtgt gcccctgcgg gaggaacct tcatgtgactt ttcaaggcga 480
ctccctccca gcatccctgc ggaaggagt agtttctgag agtgtgactt ttcaccagag 540
atgatgggga aggggtcccc agtccccaca gtggccccac ctctggggccc tgcaccagag 600
cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 660
10 gcaactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 720
attttgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctcctccctt gaattctattt tactgttgtt 780
tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgctgtctg gccttgaaca tgggtgtgga 840
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcagtg acatcgagc 900
gacgcagacc ccagcaggtt cagtcccgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctg 960
15 agggaagagg gcagaggagg gtcatgtccc ttcagctggg ggagggggccc agtgagctcc 960
acgtggcttt tcccaaagg gagcaaggag gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg 1020
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgct atcacggtgt 1080
tctggctctc ttatttagcc aggcgcttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg 1140
aaaggccttt gacccatgtc atctgagcgt ctctccagct agctctgaaa gctgtggaca 1200
20 ccaatggcca ggattccttc tcccctggtt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg 1260
ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtg tgtgaaagca ggaggggagc ccctcctgga 1320
caagtgtgat cccctataa acggctctca ggaggttagt gagtaggaga ttctgccttg 1380
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaagggt 1440
ggtgagtggt atcaaatcta gtctcactcc cactttttag tctcactcct acttttgtcc 1500
25 accacccctg cctcctggat cttctccac ttttttttc agcttttaga cctggggaga 1560
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gccccacac tcgggggtcct ccaagagggt 1620
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac cccaggtcca ggccctgga tcctgagact 1680
cgcgtttcct tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgcg catgtgcaag tgtggatgta 1740
tgtgtgtgcg tgtgttttgc tcatttcttt agggaacttg ggagtcgggg ttggaggtgc 1800
30 tgggcaatga aacttcaaat tcaatgtcgc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggc 1860
ctgtaggcca accaattggt ggagtctcag cgatagccca ggtgagaagt ggttcacca 1920
gaggggcagg gtgggggctt cgggcagatc tgtccctctt ggccctctg tcctcaaatg 1980
tccaaaatgt tggaggacct ctgttcatat cccacgcctg ggctcttgcc agcagtggag 2040
ttactgtaga gggatgtccc aagcttggtt tccaatcagt gttaagctgt ttgaaactct 2100
35 cctgtgtctg tgttttgttt gtgcgtgtgt gtgagagcac atcagtgtgt gcaggctgtg 2160
tttccccatt tctctcctcc cttcagaccc atcattgaga acaaatgtaa gaaatccct 2220
cccaccaccc tccctgcctc ccaggccctc tgcgggggaa acaagatcac ccagcatcct 2280
tccccacccc agctgtgtat ttatatagat ggaaatatac tttatatatt gtatcatcgt 2340
gcctatagcc gctgccaccg tgtataaatc ctggtgtatg ctcttatcc tggacatgaa 2400
40 tgtattgtac actgacgcgt cccactcct gtacagctgc tttgtttctt tgcaatgcat 2460
tgtatggctt tataaatgat aaagttaaag aaaactcaga aaaaaaaaaa 2510

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

45

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2058 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:36:

```

10 atgctctgga ggatgagggg tgggcagcag cggcccccag ccccggtca gcccgcagca 60
   tgggcagcca caccacacgg gacagcagct ccctctccag ctgcactcag gcatcctgga 120
   ggagcgcagc ctgccttccg ggggccggac agggcccggg ctgctgtctc aagacagcca 180
   gacaaggagt tctccttcat aatccgtgtg tgaggcggac agtgggtggc caccgggagc 240
   tcttggctgc atcttctccc tgcctccacc cactatgac ctttgaccct acggcgcagg 300
15 ggcagccagg acccttgatt cagaccatgg accctggacc ttgtagatga gggacactgg 360
   cctggccctc gggctctcgg aggacgtagg gggctggcat ggggtccgac tggctgcctg 420
   acttcatcat gctccctgca cttaggctgc gtgggacaag ggctgtgttg tcacagcagg 480
   aatagggttt cctctgttgg cctccctttc ctccaccctg gcctcaaagt gatgccagat 540
   gccaaaccca gttctggcca cgtacagcca gcgggtcagc ccagaggcag cctcagctcc 600
20 agggctaagg actctcggct cccattttct ctgctggcgt ttctgctgtg cccagcagtg 660
   gctgctgggg aagcagctgc agcagagggg agacggtctt gcctctcagc ccctccctgc 720
   ccacacccag ctctgcccct ggaaatctgg agcccttgg agctgagctg gacggggggc 780
   cagctgcgag catgtgact aaacgcagcc cttccaggg gaagagaaca ggatggagaa 840
   tggaaaggaaa gccccccagg cttcgtgaat tgcaagaagg gacccttcca ggatgacact 900
25 aggaacaggg ctagggcact cgctcagtc ctaggggctt gtttgttctt tattattgtg 960
   tttaaatcct tatagagcaa tatcaggatg gtgttaatag gtctgcctca gaatgagaat1020
   caatcctttt agaaaacctt tatactaagc ctctcttca aaattcacag tggcgattag1080
   cggactggag tctggtggcg attagcggac tggagtcttg ggacatccgt ggcaaagacal140
   ccagctcaac tttagtgtt cccaacttta tttagaatga catggggttg gtgtctggtg1200
30 tgtgtgtttt ccctacgcac ctcccatagc tattaacaac tgaggaaggc cagtgcagaa1260
   tatttttggg gaacgatttt ttttttaaat aatatatcat tcctatgggg ggaaagcctt1320
   tttttcttt ttggctgagt tattccctcc ctccctcaa taccctcagt actgactact1380
   tccctttctt ttctcaggcc tccccccacc gacttttgag gccagggttg gccagattta1440
   gcaaaaccaa aacagagtgc tgagttaaac gcaaatttca ggtaaacaaa agataatttt1500
35 ctagcattaa tatgcccac gcaatatttg gaacacttat gtgaaaaatg atttgttttt1560
   ctgaaattca cgtttctctc tgagtcctgt aactgtcccc gaggggattg agcagaagct1620
   cgggtatgag ccctgaggtt gactgccggt tatttttctg tcctgggaac agcctgacct1680
   acctccctgt ctccatgtag ccagtggagg gagggggaga cacagaacca accacagcca1740
   ggggcgtccc catggcgact gtggcccgcc ccctcctctc ttgctgact ctctctctt1800
40 gcctgactct agacactaac ttagttccag gttcggtgcc ctgttggtgc tcctgtttcc1860
   aatagcttag gtcccattgt gggggaggaa cctcaggggc tatgcagccc ccgccagctg1920
   ccctcgaatc ccgtccaggc caattccaga ttctaaactg atttttttca tgatattgtc1980
   aaaacagtga ggaaacatta aaaaaaaaag ccctaaagca aaaaaaaaaa aggaagagga2040
   aaaggaaaaa aaagaagc                                     2058

```

45

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library  
10

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:37:

```

15 taaatttcca aatgttcact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
   gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatgggtgcc 120
   gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
   tgcccatatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
   tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttta aatgagctct cctttcaacc 300
20 cttgttaaca agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
   tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taaccaaagt gtaaagtctt 420
   tattaacctc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacactgg ttcctgatg 480
   ttgtaataaa catcaatgca tctgctgtgg gtcttttgc gagatgtctt cgaaggaatt 540
   ttgttttagc catatccatc aactttgtat ttactttgca atttggaaga aggaaagtca 600
25 catgatgaaa ctctttttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcacaaa ggatgcaact 660
   gcagtggcac aaaggctcact caatcctttg tttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
   ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 780
   agacttattt gcagtactgt gttcttcagc tagaggcagc tttttaata atgcaagtgt 840
   atttattagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcatttctg aggaccatta 900
30 ttaattctga gaacagaaat tgggtgcctg caaggaagt tactagctct atcaacaagc 960
   attcaagggt acatctgcta gcagagtagt gttaggaacc tggccttact ctctctgac1020
   aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg1080
   aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagtgtctg1140
   aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggcccactaa1200
35 gccactgtta ttttcttcc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact1260
   ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacttct gcttctggct tatcttcttg1320
   gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat1380
   tttatgttgt gcttatgtga accccttggg gaaggtccct tttccttggg tgtgtagttal1440
   tatgatcttt ttaaatgtac agatattttg ctataaaaac ggtgcagttt tttatggttt1500
40 ttacacttct ctttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaataa ttgttttaaa1560
   atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt tttttaatat1620
   atatatttta ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cacttttagt1680
   tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt1740
   tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt1800
45 aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca1860
   atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctattttat taatctacaa atagacaacg1920
   ttggcatgtt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt1980
   tttataaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcatatgag caaataataa2040
   actattttaca ctactaaaaa gaaaagagaa gaa 2073
50

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:38:

20 tttcccttct tttccagga tttgcctgta agcattcaaa ttgttttgaa tttcattttg 60  
ccttctctaa gtagaggta tttaatgact gaagactggc aggagagaaa gtatcaacaal20  
actgagtaaa ctattcttga ggggcactga aaaggatgtt ctttgaaact tgatttatat180  
atctttactt gcaaaaggat atactgtgtt ttgagtatga aagtgtgatg ggtctgttgt240  
ggggaccatg actgatgcca taattgcac 269

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1491 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:40:

50

aggtgagtga ggcggaaact gaggcacgga gtggggaagg agcgttggtt tcttaaagaa 60  
acagcacctc ccccgctgt gcgtttcggt ttgaagccgc tctaataccc cttcctgtgt 120  
gctctccttt ccagacacgg cttacctgga tggggtgtcg ttgcccgact tcgagctgct 180

```

cagtgaacct gaggatgaac acttgtgtgc caacctgatg cagctgctgc aggagagcct 240
ggcccaggcg cgctgggct ctgcagcccc tgcgcgctg ctgatgccta gccagttggg 300
aagccagggtg ggcaaagaac tactgcgcct ggccacagc gagccgtgcg gcctgcgggg 360
ggcgctgctg gacgtctgcg tggagcaggg caagagctgc cacagcgtgg gccagctggc 420
5 actcgacccc agcctgggtgc ccaccttcca gctgacctc gtgctgcgcc tggactcacg 480
actctggccc aagatccagg ggctgtttag ctccgccaac tctcccttcc tccctggctt 540
cagccagtcct ctgacgctga gcaactggctt ccgagtcac aagaagaagc tgtacagctc 600
ggaacagctg ctcatgagg agtggtgaac ttcaacctga gggggccgac agtgccctcc 660
aagacagaga cgactgaact tttggggtgg agactagagg caggagctga gggactgatt 720
10 cctgtgggtg gaaaactgag gcagccacct aagtgaggg tgggggaata gtgtttcca 780
ggaagctcat tgagttgtgt gcgggtgggt gtgcattggg gacacatacc ctcagtact 840
gtagcatgaa acaaaggctt aggggccaac aaggcttcca gctggatgtg tgtgtagcat 900
gtacctatt atttttgtta ctgacagtta acagtgggtg gacatccaga gacgagctgg 960
gctgctcccg cccagcctg gccaggggtg aaggaaagg cactgctcc tcagagcagc 1020
15 cggagggagg ggggaggtcg gagtcgtgg aggtgggtt tgtatcttac tggctgaag 1080
ggaccaagtg tgtttgttgt ttgtttgtta tcttgtttt ctgatcggag catcactact 1140
gacctgttgt aggcagctat cttacagacg catgaatgta agagtaggaa ggggtgggtg 1200
tcagggatca cttgggatct ttgacacttg aaaaattaca cctggcagct gcgtttaagc 1260
cttcccccat cgtgtactgc agagttgagc tggcagggga ggggctgaga ggggtggggc 1320
20 tggaaacct ccccgaggag agtgccatct gggtcttcca tctagaactg tttacatgaa 1380
gataagatac tcaactgttca tgaatacact tgatgttcaa gtattaagac ctatgcaata 1440
ttttttactt ttctaataaa catgtttgtt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa a 1491

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:41:

```

50 cccggggcct ccccggtgcca aggtgaaaac ccccggaagg caagggaacc accggggggt 60
cccttgttcc cttttggagg gtggtggggg atattttgtt ttggtttttc tgcaggttcc 120
atgaaaacag cccttttcca agccattgtt ttctgtcatg gtttccatct gtcctgagca 180
agtcattcct ttgttattta gcatttcgaa catctcgccc attcaaagcc cccatgttct 240
ctgactgtt tggccagcat aacctctagc atcgattcaa agcagagttt taacctgacg 300
55 gcatggaatg tataaatgag ggtgggtcct tctgcagata ctctaatac tacattgctt 360
ttctataaaa actaccata agcctttaac ctttaaagaa aaatgaaaaa ggtagtggt 420
tgggggcccg gggaggactg accgcttcat aagccagtag gtctgagctg agtatgtttc 480

```

```

aataaacctt ttgatatttc tcaaggccct agtctctgct gtctcccctc cccaccccat 540
ccttgcaaag cactggggaa agtaaggcca atctggccct ccctgtgtga cccgccttcg 600
agttrttcctt aacagtttagt acatttcctt gtgttaccac gcatggggaa gaaaacgcat 660
ggccccagaa tgccaccccc acctgacctc cccggaagca cccgcctct gccagagca 720
5 tgtgcttgct tctagagaat cccgttcag tcattgctg gacagaaaac gtaagagtcc 780
tggggagggtg tgggagggaa tgaagctagg acctgggtg ggggtgggg cggttgcag 840
cggaccgggt attctgaaaa gaaagaaatc ttcaaacc tgggtcctgt ccggtgaaaa 900
aacgacagca ttacacattc tcgtgccagg aaatgggtac tcacccccgc tctctggagt 960
cctttggagc tttctgatac cattcacacg atggagcaat tcacacgttc gttttctaag1020
10 tcttttattg tccaagcata taaggtagc acagcaciaa tggctgccat ggaaagtcgt1080
gcttccccag cataagaaca gagccatctt tgagccatgg gaagcctcat ttaatgagac1140
ctttttcccc ccttttaaat ctgatatgtt atcgcaacta gggttttgtt ttattttggc1200
tcttaagggtt gagagtgggc tgaacgcctt cataatgggg gcggaggcgg gagtgagagg1260
agaagggaga gaggctgtct ttttctaata actacacctg aaaagtatca agagacatct1320
15 ttgccaagag actgtagcag ccagctgccc cccgtggagc aaggtttaaa gacaaaatta1380
aatggcacct ctgtttaaga tctgcgtgtg taaacaagac tcgtttgggg aaaacgacct1440
gggaggagag catctgtgat caaaatctct cattgtaagc acaaattgtt ccgtgtctgg1500
ttattaaaat cgctttgggt ctataacagc cactctgtc cccctttta atagaaaatt1560
gtcattctag cctggatttc tccccactgg aggtggaggg tgggaagaga agggagtcag1620
20 ctctgacagc ttacaaactg ggaagttctg tgcatctcca gggattccag agttgaagat1680
ctggttggtg gaagctgggc gccagtgct ttttttttg tgggtttttt ggcccaaagg1740
cgtgaggggc ccgctgaaaa aggggaacgc ggggggtggg cgggggttggc 1790

```

## 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 512 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42:

```

50 acgtgatctg cacgggagca gatgtaggca ccggtccgag tgcttgcctt ctgtccccgc 60
ggctgggtct cgtctgtctc ggttcctggg ctccctaattc ttggtccagc ttcttccagg120
tctgcgcgtc tgtgttcccc agcgtctctg gaagctgaaa aggaggagca acctgtccag180
aatccccgca ggacaggaaa aggaggggaa atctcgacat ggaaaaactc tacagtgaag240
atgaaggaat ggcttcaaac caaggaaaga tggaaaatga agaacagcca caagacgaga300
55 gaaagccaga agtaacttgt actctggaag acaagaagtt agaaaacgag ggaaagacag360
aaaacaaggc caaaacagga gatgaggaaa tggttaaagga taaaggaaa ccagagagt420
aggagagggc aaaagaagga aagtcagaga gggaggagga gtcagagatg gaggaggtcg480

```

agagagagggc aacccgaggt aggggaagcg ga

512

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

5

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:43:

```

30  ggccctatag tgagtcgtat gcggtgaagg tatgcttggg cggggggagt gagggcttcc 60
    taccacagat gctttatctt cccaaacact acaaaaaaac ttttaaaact ttgccatttc 120
    atctgggttac actctttgcc actgattagc agtattttaa tcttgcaaga atattttgtg 180
    ctttcttttag aaacacaaga gtatagattt ttctcactga aaagtggagag ttacgcattg 240
    cagccatgaa gggatgctag gatcaattat ggcatgacct tttttcccct cctgttcttg 300
    agccagttgt ctcttttggt ttgggtccca cttaggatta atggatgtaa ggtattttcc 360
35  tgtgctctta ttttgtgtca ttctattgga aggaggtgta acggcagaat agcatcgtgt 420
    tgggggtttt ccttcaaaca ctgcaagtga tattgccacc atgtgaacct caaatatgca 480
    atccagttgt gttggtttct cggtgacttg gagtgttcat ctcttcatga attgtgagca 540
    ctgaccatgt tcttcagttc ttaattatgg tgagttgaca aataccaact actgcttttc 600
    tttaggtggc tataaatttc ttactgtcag gaggaaatga cattatattc tgttccactg 660
40  aacgtcagag atcagcaggc actgtactgg gtagagaagt gcctatactt ctctacctaa 720
    gagggcagga gggaaaccct acagctcctt gtgagcctat atattagtat atcggcctgg 780
    agaggacaag ggaataagac cactcatagt gaggctggcc aagctgcact ggtcggacca 840
    ggcagtggct gacctaaagg agacaacttg ctttgcttaa aagtagattt ttttaagcaat 900
    gcttaacaca ggcagcattc acctttgttc aggccatcga catgtattgt taaaattact 960
45  gcatatcccc ctcatatc acagatattc aagtatacac tgttcatgtt acgcacgcat gtgtcccaaa 1020
    tcttgcttta atttttttt tctgaatgtg atcatgtttt ggatgatacc tgagcagggt 1080
    tgcttttttt ttatttatta ccattatata ttatattata ttatatattt tttgctttct 1140
    tataactttg gaggaagtc aaatcttggt attattaaaa ttgttttaaa aaggagtaaa 1200
    ttttccagtt gataaatgaa aatcactggc ctatgtttta taagtttttc ttttaattact 1260
50  gtggaataac gtgccagcta tcatcaacac aatgattttg tacatagggt aggggaagcag 1320
    tgatgctctc aatgggaaga tgtgcaacac aaattaaggg gaactccatg tattttacct 1380
    acttcagcaa tggaaactgca acttggggct ttgtgaataa aatttagctg ccttgtagat 1440
    tcgtttgaaa gaatatgtga tctgtgagag aattatagtt tttttttaga agaaaaatct 1500
    gcaaaagatc tttccaaaga caatgtgcca cagatctttt gttctctgta atgaggatta 1560
55  attgctgttt aaacaaaaat gtaattgttc atctttaaat tctttccttt tcataagagg 1620
    atcaagctgt aaaaaaacia aaaaattaat aaaaatttcg agaaatcaaa aaaaaaaa 1678

```



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1670 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45:

```

aaactcttga aggaagctct aatgatagaa ttaggggagg gtaataaaat agacattttg 60
aaatcatttg gaatttgaac tgttgatctt acatctggag caccatcttg attctccctt 120
tttattttcc cagacgaatt atcaataaac acactgatga gtcttttagg gactgctctt 180
tccttaatac atgtttccac atggatacct gcaagtatgt tcactatgaa attgatgctt 240
gcatggattc tgaggcccct ggcagcaaag accacacgcc aagccaggag cttgctctta 300
cacagagtgt cggagggtgat tccagtgcag accgactctt cccacctcag tggatctggt 360
gtgatatccg ctacctggac gtcagtatct tgggcaagtt tgcagttgtg atggctgacc 420
caccctggga tattcacatg gaactgccct atgggacctt gacagatgat gagatgcgca 480
ggctcaacat acccgactta caggatgatg gctttctctt cctctgggtc acaggcaggg 540
ccatggagt tgggagagaa tgtctaaacc tctgggggta tgaacgggta gatgaaatta 600
tttgggtgaa gacaaatcaa ctgcaacgca tcattcggac aggccgtaca ggctactggt 660
tgaaccatgg gaaggaacac tgcttggtga gcagcagtg ggccaattc aatagggtga 720
gcacaaagaa gaatcatttg atttcttact gagaaaaagt tcaaagggtg ggtttcataa 780
ggtaatctgt tatctgtggt gagcaggttg gtgtcaaagg aaatcccca ggcttcaacc 840
aggggtctgga ttgtgatgtg atcgtagctg aggtatgtgc ttcccaggcc tccaaagctt 900
ccacattttt gttggtatca gttattcatg ttgggtgtat tctcatccca gatttttctc 960
atttagatca taaacataat agaaagggct agaattgcaa tcttgtgtaa cttaaaaagc 1020
agctagtttt tatttcctag gttcgttcca ccagtcataa accagatgaa atctatggca 1080
tgattgaaag actatctcct ggcactcgca agattgagtt atttgacga ccacacaatg 1140
tgcaacccaa ctggatcacc cttggaaacc aactggatgg gatccaccta ctagaccagc 1200
atgtgggttg acggttcaag caaaggtagg cagatggtag catctctaaa cctaagaatt 1260
tatagaagca cttccttaca gagctaagaa tccatagcca tggctctgta agctaaacct 1320
gaagagtgat attgtacaa tagctttctt ctttatttaa ataaacattt gtattgtagt 1380
tggtattctg aagtccattc tggctctgct acttaacagt gtataatctt gtgcaactca 1440
tctctcagta ttatatgtga aatgggagta ttacctcatt ggggtgctgt gaagggtc 1500
actaaatgag tgcattggaa acattaaaat gatcattata ggctaggcac agtggtcac 1560
acctgtaatc cgagcacttt gggaagccga ggtaggagg taactgtagc ccaggaggtt 1620
aagactagac tgggcaacat agtgagaccc catctctact gctaccctcc 1670

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 881 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47:

```

tttttttttt tttttttttt ttttttaagt tccttagaat attatttttc ctactgaaag 60
ttaccacatg cgtcgttggt tatacagtaa taggaacaag aaaaaagtca cctaagctca120
ccctcatcaa ttgtggagtt cctttatatc ccatcttctc tccaaacaca tacgcagcag180
tgttacagct cttttagaat ttgtctagta ggctttcttg ctttttaccg gaaagccccct240
cttatgatgt ttgttgccaa tgatagattg ttttctactg gcaaaaaatta tgggtagttt300
tgggtggtct gatgcagttg taagcttggg gtatgaaggt ttggggccacg cctgggctgct360
tccggctgct cgggatgctg tttcctttcc gctcccaggg gcgttgggaa cggttgtagg420
acgtggctct ttattcgtga gttttccatt tacctccgct gaacctagag cttcagacgc480
cctatggcgt ccgcctcgac ccaaccggcg gccttgagcg ctgagcaagc aaaggtggtc540
ctcgcgaggg tgatccaggc gttctccgcc ccggagaatg cagtgcgcac ggacgaggct600
cgggataaac cctgcaacga catgggtgtc ctttaagttg ctcgcttggc caagtcctac660
gaagcccagg atcctgagat cgccagcctg tcaggcaagc tgaaggcgct gtttctgccg720
cccatgaccc tgccacccca tgggcctgct gctggtggca gcgtggccgc ctctgagag780
40 ttggccctcc cttgtgccac tgccagggga ggaaaggcct tgatgttcca gacaataata840
aatgcgcctg tgacttttaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
881

```

## 45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2076 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:49:

```

15  gtggagtcgg gggacgctcc tcctcgccag gggtcccgct ccctttccct gctgggtaaa 60
    tcgcattctg tctctttaag gagtgtttgg ccgcgacgag ttggaaagcc cggatgcgtc 120
    cttcggttgg gcggggtgtc tcagtacgt cactgggggt ataaaaggc ctgggtggcg 180
    ggcgctggg cagagcgctc tagcagtgtc actgcgtggg ttggtttgtg tagagaggcg 240
    tgagcgagcc cgtgtccgg agtgcacctg ctgcctgttc tgtccctccc gggagccccc 300
20  gccgctgtcg ccgtcgagtc gccatggaag tgcagaaaga ggcacagcgc atcatgaccc 360
    tgtcggtgtg gaagatgtat cactcccgca tgcagcgcgg tggcctgcgg ctgcaccgga 420
    gtctgcagct gtcgctggtc atgcgcacgc ccgggagctc tacctctcgg ccaaggtgga 480
    ggccctcgag cccgaggtgt cgttgccggc cgccctcccc tctgaccctc gcctgcaccc 540
    gccccgagaa gccgagtcga cgcccgagac agcgaccccc gacggtgagc acccgtttcc 600
25  ggagccaatg gacacgcagg aggcgcgac agccgaggag acctccgcct gctgtgcccc 660
    gcgccccgcc aaagtcagcc gcaaacgacg cagcagcagc ctgagcgacg gcggggacgc 720
    tggactggtc ccgagcaaga aagcccgtct ggaaagaaaag gaagaagagg agggagcgctc 780
    atccgaagtc gccgatcgcc tgcagccccc tccggcgcaa gggagggcgc ctttcccaac 840
    ctggcccgcg tcctgcagag gccttctcct ggctcctga actgcagccc cgcgccct 900
30  ccgacggcgc cgcccgctg cgaggcaaaag ccgcttgcc gcccgcgga cagcatgctc 960
    aacgtgtctg tgcgggcccgt ggtggccttc tgaggacccc gagcggcgt gccggagccc 1020
    agagcgcgcg tcgaaccgtc ggcccgaggg cgagacctg aggcgaggcc accccctcc 1080
    atcctggggg aagcgcgcgc gaaaaccgtg gagagaagcc gccgcccggg ctgctgagag 1140
    gcccgagag ggactctgtc cccggggagc catcgccctc agtgtgcagg gacggcaccg 1200
35  aggagtctga gccggggcg cgggcgccct ccgcagagac ctgcgcccac aggtgctgtc 1260
    ttagtggact gggagctgaa ctttctgtc tccttctgga ctgggagaag ggaggctgg 1320
    gtgtgtgtt tttgttttg tttgtgtgt ttgttttaaa gatctcctca gggtcgact 1380
    tcattttgta ctgtgggctg tgctggccct ttcaagggtt ttcaagagtt ggttttgcgt 1440
    ttccaacctc ggagaattcc aggcactccc cttccccctc cgctgacata cttgtataag 1500
40  cggtcacgtg tgcgtcatgg ggcaggcgtg gggagcttcc tgcgccttg cgtgggtgtg 1560
    gggcctggga ggaggtcctg gggcgtgcac ccgcccctgg cagtggggag gagagtggcc 1620
    tgagttactt caccgccgcg tgctgctggt taatgtcccg cgtctctgca ccttcgggtg 1680
    ggagcgggga ctgatctact ttcacattct caagttttt tcactctgat tagaggtgcc 1740
    cagtaggttc ccaggttcca gcgtgccct ccctcagaca cacggacaca atcagccgag 1800
45  aagttcctgg tctgaatcac gagaatgtgg aggggtgggg ggtgtcagtg gaaaggcata 1860
    aggctgagct gagaccagtt gctggtgaaa ctgggccaat ctggggaggg gaacatcctt 1920
    gccaggaggt ttctgagggt ctgctttgtt tacctttcgt gcggtggatt ctttttaact 1980
    ccgtctacct ggcgttttgt tagaaatgtc agataggaaa ataaaaacca tttgagtaaa 2040
    aaaaaaaga aagtaacatt gatgactcgc tcagtg 2076

```

50

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50:

20 ttctagatcg cgagcggccg ctcgatcta gaaccggca agatggcaga agtagagcag 60  
aagaagaagc ggaccttcg caagttcacc taccgcgcg tggacctcga ccagctgctg120  
gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg facagtgcgc gccagggcgg cggctgaacc180  
ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgctt gcgcaaggcc aagaaggagg240  
cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggta agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300  
ccagatggg gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gaccttcaac caggtggaga360  
25 tcaagcccga gatgatcggc cactacctgg gcgagttctc catcacctac aagcccgtaa420  
agcatgccc gcccggcatc gggggcaccc actcctccc cttcatccct ctcaagtaata480  
ggctcagcta ataaaggcgc acatgactcc agaaaagaaa aagaaggggg ggcgcgctaa540  
aggatcga 548

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 1177 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52:

```

aaaacttttt tttttttttt ttttacagaa ctcaggggtct atttattagg aaggagatgt 60
cagtgtctta tcaaagatga aggggtcaca gagggaacaat gggacaaagg ccctcagctg 120
ggacatttct tggccacaat gagaacagca gaaggcacga gtcccagctc ctgcagaggc 180
5  cgctccatgt cagcttctga gaaggcccgt ctggggaagc cactgagcaa ttgcacaggg 240
tcctggcccc cacctagtgc ctccccacgg tggagctcca catagagcct cacagctgcc 300
agctgttccc gggcccga cgtctgggtc agtgaggtcc catctggcag cctgacctgt 360
atgcgacact ggtcatactc ccgcttggtg ggaggctcct ggctgggaga agagggaaca 420
ggacctggct ctgggtccac tgggggtggc tgagagccca cactgccacc atacttcttg 480
10 gctctctctg ctctgtccct ctcgatcttt tctctaactc tttgtctggc tgctaactcc 540
tcggcctttt ccctccgcct ctctcagca gcccggcgca tctcatcttc ctgtagccgc 600
tgtcgtgctg ctgacaactc ttgcccttgt ctctgcgct gccgttcccg ttccaatgcc 660
tcccgttctt ctcttcttc acgctcccgc tgettctggg ccaccagctc caacatctc 720
ttagtttgtt cctgtcttct ctcttcaactc aaagcgggtt tgccttctcc ggcagcagaa 780
15 ccagatcctt caaggccgcc ttgctctgag gaagtgggct cccgtcccag gatattgtcca 840
aggggagtct ctaaaggctc gtccacatcg gggctcgtct cgtgctccat cagccagctc 900
atcgcagcct cgatgccctg gtccctgtg agggccagag ccttctccgc gcgtcccctg 960
gggaagccca tctcgatgag actctcaaga gccgtcactc cgccatggcg ccgacaccgc 1020
ggcttccgcg gggacctggt gtgtgacgag aaggagggcg ggaagggtca gcgcgaggca 1080
20 acccgccctc gacaccgcc gacgggcgct cgctctctca cccggtcta tagcagccgg 1140
gaacaccgac gagaagaaag ccgaggggaa gcggaag 1177

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53:

```

aaagactgca aaactgcctg aaatgtgttt tggcatcagc tactgacacg taaggtttcc 60
50 caatcctcaa ctctgtcctg ccagctgatg aggggaagga aagggttac ctagggttat 120
ggcgaccaa tcctgagtc accaactgac cagccccatc ccagccttg tgcctcacct 180
acccccaacc tcccagagg agcagctatt taaggggagc aggagtgcag aacaaacaag 240
acggcctggg gatacaactc tggagtcctc tgagagagcc accaaggagg agcaggggag 300
cgacggccgg ggcagaagt gagaccacc agcagaggag ctaggccagt ccatctgcat 360
55 ttgtcaccca agaactctta ccatgaagac cctcctactg ttggcagtga tcatgatctt 420
tggcctactg caggcccatg ggaatttggt gaatttccac agaattgatca agttgacgac 480

```

```

aggaaaggaa gccgcactca gttatggctt ctacggctgc cactgtggcg tgggtggcag 540
aggatcccc aaggatgcaa cggatcgctg ctgtgtcact catgactgtt gctacaaacg 600
tctggagaaa cgtggatgtg gcaccaaatt tctgagctac aagtttagca actcggggag 660
cagaatcacc tgtgcaaaac aggactcctg cagaagtcaa ctgtgtgagt gtgataaggc 720
5 tgcctgccacc tgttttgcta gaaacaagac gacctacaat aaaaagtacc agtactattc 780
caataaacac tgcagaggga gcacccctcg ttgtgagtc ccctcttccc tggaaacctt 840
ccacccagtg ctgaatttcc ctctctcata ccctccctcc ctaccctaac caagtccctt 900
ggccatgcag aaagcatccc tcacccatcc tagaggccag gcaggagccc ttctataccc 960
accagaatg agacatccag cagatttcca gccttctact gctctcctcc acctcaactc1020
10 cgtgcttaac caaagaagct gtactccggg ggtctcttc tgaataaagc aattagcaaa1080
tcatgaaaaa gaagaaaaaa gagaaaaagg agtaaa 1116

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1556 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55:

```

tgagccagga tgagccagga gaaggaattt cacaagggag aagctcggca acgtggagtc 60
40 ggtttatgtc atcgaccctg aagatgtggc ccttctcttt aagtccgagg gccccaaccc 120
agaacgattc ctcacccgc cctgggtcgc ctatcaccag tattaccaga gaccatagg 180
agtcctgttg aagaatcgg cagcctggaa gaaagaccgg gtggccctga accaggagg 240
gatggctcca gaggccacca agaactttt gccctgttg gatgcagtgt ctcggaactt 300
cgtcagtgtc ctgcacagg gcacaaagaa ggcgggtcc ggaaattact cgggggacat 360
45 cagtgatgac ctgttccgct ttgccttga gtccatcact aacgtcattt ttggggagcg 420
ccaggggatg ctggaggaag tagtgaacct cgaggcccag cgattcattg atgccatcta 480
ccagatgttc cacaccagcg tccccatgct caaccttccc ccagacctgt tccgtctgtt 540
caggaccaag acctggaagg accatgtggc tgcattggac gtgattttca gtaaagctga 600
catatacacc cagaacttct actgggaatt gagacagaaa ggaagtgttc accacgatta 660
50 ccgtggcatc ctctacagac tcctgggaga cagcaagatg tccttcgagg acatcaaggc 720
caacgtcaca gagatgctgg caggaggggt ggacacgacg tccatgaccc tgcagtggca 780
cttgatagag atggcacgca acctgaaggt gcaggatatg ctgcgggcag aggtcttggc 840
tgccgaggac caggcccagg gagacatggc cacgatgcta cagctgggtc ccctcctcaa 900
agccagcatc aaggagacac taagacttca ccccatctcc gtgaccctgc agagatatct 960
55 tgtaaatgac ttggttcttc gagattacat gattcctgcc aagacactgg tgcaagtggc1020
catctatgct ctgggcccag agcccacctt cttcttcgac ccggaaaatt ttgacccaac1080
ccgatggctg agcaaagaca agaacatcac ctacttccgg aacttgggct ttggctgggg1140

```

5    tgtgcggcag tgtctgggac ggcggatcgc tgagctagag atgaccatct tcctcatcaal200  
 tatgctggag aacttcagag ttgaaatcca acacctcagc gatgtgggca ccacattcaal260  
 cctcattctg atgcctgaaa agcccatctc cttcaccttc tggcccttta accaggaagc1320  
 aacccagcag tgatcagaga ggatggcctg cagccacatg ggaggaaggc ccaggggtgg1380  
 ggcccatggg gtctctgcat cttcagtcgt ctgtcccaag tcctgctcct ttctgcccag1440  
 cctgctcagc aggttgaatg gggtctcagt ggtcaccttc ctcagctcag ctggggccact1500  
 cctcttcacc caccctatgg agacaataaa cagctgaacc atgaaaaaaa aaaaaa 1556

10    2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1581 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15    (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25    (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56:

35    cgggtccacc gttcagactt cagtactgag ggagagagaa gaggggagag aagagaggag 60  
 gaagaggatg acctgagtga gctgccaccg ctggaggaga tgggacaacc cccggcggag 120  
 gaggctgagc agcctggggc cctggcccga gagtcccttg ctgccatgga gcccagagccc 180  
 gccccagccc cggcccagaga agagtggctg gacattctgg ggaacgggct gttgaggaag 240  
 aagacgctgg tcccagggcc gccaggttcg agccgcccgg tcaagggccca ggtggtcacc 300  
 40    gtacatctgc agacgtcgtt ggagaatggc acacgggtgc aggaggagcc ggagctggtg 360  
 ttactctctg gtgactgtga cgtcatccag gccctggatc tcagtgtccc actcatggac 420  
 gtgggggaga cggccatggt cactgetgac tccaagtact gctacggccc ccaaggcagc 480  
 aggagcccat acatcccccc gcacgcggcc ctgtgcctgg aggtgaccct gaagacggct 540  
 gtggacgggc ctgacctgga gatgctcacg gggcaggagc gcgtggccct ggccaaccgg 600  
 45    aagcgggagt gcggcaacgc ccaactaccg cgggcggact tcgtctggc cgccaactcc 660  
 tacgacctcg ccatcaaggc tatcacctcc agcgccaaag tggacatgac gttcgaggag 720  
 gaggcacagc tcctgcagtt gaaggtgaag tgtctgaaca acctggcggc ctgcgagctg 780  
 aagctcgacc actaccgcgc agcctgcgct cctgcagcct tgtgtctggag caccagccag 840  
 acaacatcaa ggctctcttc cgcaagggca aggtgtctgg ccagcagggg gagtacagtg 900  
 50    aggccatccc catcctgagg gcagccctga agctggaacc ttccaacaag acgatccacg 960  
 cagagctctc aaagctggtg aagaagcatg cggcgaggag agcacggaga ccgccttgta1020  
 ccggaaaaatg ctgggcaacc ccagcgggct gcctgctaag tgccctggca agggtgcctg1080  
 gtccatccca tggaaagtggc tgtttggggc gactgtgttt gccttggggg gtgtggcact1140  
 ctctgtggtc atcgtgcca ggaactgacc acctaggtgg ctgcgacccc ctctgcacac1200  
 55    catggaccct gccctgcgct ccccaactcc cccaggctcc ctgtccactg ccctccctgg1260  
 tctggccccc tcctccgggt taggggagca aggattgggg gtcgtgcagc ccagccagca1320  
 ggagggactg aggccctcta ggaggaaaag ccagagggag ggggccccta ttccttcaga1380

```

cccagttttc cccaccctc cttaccccg cgggctaggt ctccgccagg gctggcctca1440
gtttctctc aacaggcctg ggggcagccc ttcccctgcc tagtccccgc ctgagtgccal500
gccccccacc ccgctgccc cccctgtcc aggttccctc cccgccacag tgaaataaag1560
catccacccc tgcaaaaaaa a 1581

```

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 1121 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58:

```

actacgtcac ccgcacctac agcctgggca gcgcgctcgc ccagcaccag ccgcagcctc 60
tacgcctcgt ccccgggcg cgtgtatgcc acgcgctcct ctgccgtgcg cctgcgagcg 120
35 acgtgcccgg ggtgcccgtc ctgcaggact cgggtggactt ctgcgtggcc gacgccatca 180
acaccgagtt caagaacacc cgcaccaacg agaaggtgga gctgcaggag ctgaatgacc 240
gcttcgccaa ctacatcgac aaggtgctgt tcctggagca gcagaataag atcctgctgg 300
ccgagctcga gcagctcaag ggccaaggca agtcgcgcct gggggacctc tacgaggagg 360
agatgcccga gctgcgccgg caggtggacc agctaaccac cgacaaagcc cgcgtcgagg 420
40 tggagcgcca caacctggcc gaggacatca tgcgcctccg ggagaaattg caggaggaga 480
tgcttcagag agaggaagcc gaaaacaccc tgcaatcttt cagacaggat gttgacaatg 540
cgtctctggc acgtcttgac cttgaacgca aagtggaaatc tttgcaagaa gagattgcct 600
ttttgaagaa actccacgaa gaggaaatcc aggagctgca ggctcagatt caggaacagc 660
atgtccaaat cgatgtggat gtttccaagc ctgacctcac ggctgccctg cgtgacgtac 720
45 gtcagcaata tgaaagtgtg gctgccaaga acctgcagga ggcagaagaa tggtagaat 780
ccaagtttgc tgacctctct gaggtgccca accggaacaa tgacgccctg cgcagggcaa 840
agcaggagtc cactgagtag cggagacagg tgcagtcctt cacctgtgaa gtggatgccc 900
ttaaaggaac caatgagtag ctggaacgcc agatgcgtga aatggaagag aactttgccg 960
ttgaagctgc taactaccaa gacactattg gccccctgca ggatgagatt cagaatatga1020
50 aggaggaaat ggctcgtcac ttcgtgaata ccaagacctg cccaatgttt agatgggctt1080
gacattgaga ttgccactac aggaactgct tgaaacgagg a 1121

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

55



- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 620 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59:

```

gcgtcgactt tttttttttt tttttttttg atgctcaaac acagctttta ttttacttca 60
25 aagtttacc cagatcagcc tgggaagggt aggggaatga agcagatgct gttaaagggt120
catgggagag aaaaggtatc tgtgggaaga gaataatctc ttttgacttc gtgtgctgcc180
tcacggacac actggagcag ggattgggcc cccaaggcct caggtagccc cgtgcctgtg240
gctttgctgg gtgcagccta cgtggctgct cgaatgggtt gcaggctggt gcctaaagct300
ttcccaaggg ggcgctgcat gctgccactg actccacagt tctggggctc tgggtggtggt360
30 caggctcctgc tcccagcgtc ccacaaggca ctctctcctg tggcctggat ccactagaca420
ctagacattt ccctggtggg ggccctctgt ggcagctgca cctcacattt ccacttagca480
tcactctagc ggaggctctc tgtgggctgg gcatgctagc tcagttctct tttcctcctc540
ttataaagcc accagtccca ttctgtgca taaccatta atcccattaa ccccatgcaa600
tgcaaggcca cagccttcac                                     620

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1585 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:60:

```

10  ggagctgcgc acgctccact cggccggcag cggaccgcag ccaccagccg cccgcgccct 60
    ccagccccgt cccggaggtcc cggccccgt gcggtgccgt tgctgaaaag ccaggagtca 120
    aaatgactga gcgctttgac tgccaccatt gcaacgaatc tctctttggc aagaagtaca 180
    tcctgcggga ggagagcccc tactgcgtgg tgtgctttga gaccctgttc gccaacacct 240
    gcgaggagtg tgggaagccc atcggtgtg actgcaagga cttgtcttac aaggaccggc 300
15  actggcatga agcctgtttc cactgctcgc agtgcaaaa ctcactggtg gacaagccct 360
    ttgctgccaa ggaggaccag ctgctctgta cagactgcta ttccaacgag tactcatcca 420
    agtgccagga atgcaagaag accatcatgc caggtagccg caagatggag tacaagggca 480
    gcagctggca tgagacctgc ttcatctgcc accgctgccg gcagccaatt ggaaccaaga 540
    gtttcatccc caaagacaat cagaatttct gtgtgccctg ctatgagaaa caacatgccg 600
20  tgcagtgcgt tcagtgcata aagcccata ccacgggagg ggtcacttac cgggagcagc 660
    cctggcacaa ggagtgtctc gtgtgcaccg cctgcaggaa gcagctgtct gggcagcgct 720
    tcacagctcg cgatgacttt gcctactgcc tgaactgctt ctgtgacttg tatgccaaga 780
    agtgtgtctg gtgcaccaac cccatcagcg gacttggtgg cacaaaatac atctcctttg 840
    aggaacggca gtggcataac gactgcttta actgtaagaa gtgctccctc tcaactggtg 900
25  ggcgtggctt cctcacagag agggacgaca tcctgtgccc cgactgtggg aaagacatct 960
    gaattcaaca cagagaagtt gctgcttggt atctcacaca cagattttta tgttttcttt 1020
    ctaccccagg caatcttgcc ttctggtttc ttccagccac attgagactt tcttctagt 1080
    cttttcagtg atactcacgt ttgcttaaac cctttagtgc tttgtgtag ttcagtccca 1140
    gggaaagaga aaactcgccc taggccctag gtgggaagat ggtttgaaat ttttgtaatc 1200
30  gagtaaggca caccctaatg taaaaatcct tttgaatgat gcctttataa atctttctct 1260
    cactgtctat ttaagtcaa ttaacatatg tcacgaactt gaaagttttc taaactcaat 1320
    aaggtaatga ccagttgtta tttacagctc tgtaacctcc cgttgcgtca agtctaaacc 1380
    aagattatgt gacttgcaat aaagtatttc agaacagaaa attttgccag gcacagagt 1440
    tgaaatcatg attacaggtc gaggcactga gtctaagtaa cactttattg catgggtccc 1500
35  tggctactgt atgaagtgc gttccaatgt tccaatggcc tggggcattg ccaactggaa 1560
    cagcatcaca ccctttaag gaggc

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 947 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61:

```

10 ggagacgagg ccaggctctcc agctggggtg gacgtgcccc ccagctgccg aaggcaagac 60
gccagggtccg gtggacgtga caagcaggac atgacatggt ccggtgtgac ggcgaggaca 120
gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggt ggggctgcg caagaagcgg 180
gtctgtttct ttacttcttc caccgagtcg gcacactatg gctgccctct gggctcccag 240
aaccacacaac atgaaagaaa tgggtgctacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac 300
acaaaaccct ctagcttgga aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac 360
15 tcaggaatcg gctctggaag gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa 420
agacaccatc ggaacagcag cgcccgagc acccaccctg caccggcgac tccatcttca 480
tgccaccccc ctgcggcgga cgggtgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct 540
cctccagcgg gatgacgccg tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tcttctgtc 600
tctttgtttc tgagctttcc tgtctttcct tttttctgag agattcaaag cctccacgac 660
20 tctgtttccc ccgtcccttc tgaatttaat ttgactaag tcatttgac tggttgaggt 720
tgtggagacg gccttgagtc tcagtacgag tgtgcgtgag tgtgagccac cttggcaagt 780
gcctgtgcag ggcccggcgc cctccatctt ggggccgggg tgactggggc gccggctgt 840
gttgcccag ggttcaccc tggcccttcg gcctagtctt gggaaggttc cggaccgaac 900
attcaaggga ggcaagcctt tcaaggcatt tccattaagg ggccccca 947

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
30 (A) LÄNGE: 2559 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62:

```

ctggaagcct ggaatccctt cctggacccc ttttgaagcc ccaggttccg gcttgtggac 60
acagggacaa gtcccttctc tcagcatgtg ccccccctcat ctgagatcga ggtctcatcc 120
cacaaccaag cccaggagaa gccaaaggat gtatcatctg ttgaactctt aatgaataat 180
55 catcaaggca tcaaagctga aattgatgca cgtaatgaca gtttcacaac ctgcattgaa 240

```

```

cttgggaaat cctgttggc gagaaaacac tatgcatctg aggagatcaa ggaaaaatta 300
ctgcagttga cggaaaagag gaaagaaatg atcgacaagt gggaagaccg atgggaatgg 360
ttaagactga ttctggaggt ccatcagttc tcaagagacg ccagtgrggc cgaggcctgg 420
ctgcttggac aggagccgta cctatccagc cgagagatag gccagagcgt ggacgaggtg 480
5  gagaagctca tcaagcgcca cgaggcattt gaaaagtctg cagcaacctg ggatgagagg 540
ttctctgccc tggaaaggct gactacattg gagttactgg aagtgcgcag acagcaagag 600
gaagaggaga ggaagaggcg gccgccttct cccgagccga gcacgaaggc ttcagaggaa 660
gccgagtcct agcagcagtg ggatacttca aaaggagaac aagtttccca aaacggcttg 720
ccagctgaac agggatctcc acggatggca gaaacggtgg acacaagcga aatggccaac 780
10  ggcgctacag aacaaaggac gagctctaaa gagtccagcc ccatcccctc cccgacctct 840
gatcgtaaag ccaagactgc cctcccagcc cagagtgcgg ccaccttacc agccagaacc 900
caggagacac cttcggccca gatggaaggc ttctcaatc ggaaacacga gtgggaggcc 960
cacaataaga aagcctcaag caggtctctg cacaatgttt attgtgtcat aaataaccaal1020
gaaatgggtt tctacaaaga tgcaaaagact gctgcttctg gaattcccta ccacagcgag1080
15  gtccctgtga gtttgaaaga agctgtctgc gaagtggccc ttgattacaa aaagaagaaal140
cacgtattca agctaagact aaatgatggc aatgagtacc tcttccaagc caaagacgat1200
gaggaaatga acacatggat ccaggctatc tcttccgcca tctctctga taaacacgag1260
gtgtctgcca gcacccagag cacgccagca tccagccgcg cgcagaccct ccccaccagc1320
gtcgtcacca tcaccagcga gtccagtcct ggcaagcggg aaaaggacaa agagaaagac1380
20  aaagagaagc gggtcagcct ttttggcaaa aagaaatgaa ctctttcct tcacctcctg1440
cccttctctt accttttcag tgaaattcca gcatgcaagc tcagaaccaa cacattactc1500
tctgtgctta atgttctctc atgtggttga tttttttttt tttttaattt atagagcatt1560
tcggggggggg tgggggaaac acacctaaac actttatctc caagttacaa aagttcgagg1620
tgacagaggga aggccagatt ttttttttaa tgaaattata tagattagat cttagtattt1680
25  aaactgttcc tcaattttgt gaggtgtgtg tggaaataac ccgcctctag tgctgttggt1740
atgcaaggca gcggtgctta atcaatatct cctgtgctca ccagaggcaa aatgtaccaal1800
tatcctgaca ccattctctc tccatttact tctggtggtt accctgactc ttgactctta1860
gaagtgcctg agatggggct aacctttatt aaacagatcg catattatga tcttgctgca1920
gccacagtgc agctccacat taactctaca gaccaaacca tttgtatctg gcatcactta1980
30  ctaacacacg acatgaggct tttctgcatc aactgctatg acggttaaga atgtcagtat2040
acaagaagga atagaaaact gatactgttt taaataatct gtaatttcaa tttttttttt2100
ttggctggct gaaatacatt atattgtacg tttgagataa ttctagtaca aagtataata2160
aaactagatg tataataaac cctttaaatc attggttaagt gtacaagtgg tggaactgaa2220
gcatttactg gacaaagtaa tgttactcta atggttactt gctcgtgctg tgccacactg2280
35  tgttataatt tgcttcattt ccttgctatt tgatacatag tgtgcatttc tctgtcactg2340
taactattgt aatgacaaat tttcatctta ctgcacaatc aaaatgacat tgataggaat2400
gaactccaga ggctgggcct gaacagggag gtggtcgtc aggcctgggt ctcagtcgta2460
cgacctgtac ctctcaactt ttgcctatc tgttaaatat atgctatgtc attaaatgct2520
tttaaatcta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2559

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63:

```

10  aaccctcctcaa gcacacccgg tgaacctgtg accaaggcgt gttcaactac accctccctc 60
    tgtccccagg cccagacttc ttccaaggac aacagcaagc cagaagtgcc agtcagaggt 120
    acagcagcct ttaccatca tctcccagct gccagtgggt gcaagcagac ctctactaaa 180
    cgcaaagtag aggaaatgga agtggatgac ttctatgatg gaatcaaacg gctctataat 240
    gaagataatg tctcagaaaa tgtgggttct gtgtgtggca ctgatttatc aagacaagag 300
15  ggacatgctt ccccttgtcc acctttgcag cctgtttctg tcatgtagtt tcaacaagtg 360
    ctacctttga gtgtaaacta aggtagacta ctttgggaat gagaacatgc aaaatcagga 420
    aaggctgtag aaggaaatat accttaacag gctgatttgg agtgagccag aaaaaaaaaa 480
    taaaactctc attatttgtg tggctaatta taattcagcg ttatttaagc acataaagac 540
    cccaaaaaaaa aaaaaaaaaa aatccaaaag atccaaactt tttttaact taaaaaatct 600
20  ctttgtagta tgtcagttgc actttttttc tgccataatg taacgtagct tgccccgtca 660
    aaaattcaat taaaattcat ggccagcaat cctgttcccc ctcagcatcc tgatttaatt 720
    ttcctgttgc ttttgcctgc ttctccattt aatagttact gaactttatg catgttgatc 780
    tatattgatt ttactgcag ttgaatgaac aaattatttc agtgtgacag ccatgactca 840
    agttccaatt agtctgaaaa ggtactttg gaattgtccc atattaatca gagatggcaa 900
25  aagaaaaagt tctcatatta ccaggttgat ttgtgtctc atttcaaatt ttaattttaa 960
    attatggttt tcatttttgt ttaccttaaa gtgatgctta aaagtggcat gtaattagga1020
    cacttaggtt tgttgaaagc attttcgaca tttgtataaa agaatttgtg ataaatatat1080
    ccaggtgctc accaaagaaa catgtattaa caacttaaat tagatttttc taactgatag1140
    ttttctactca ttataatca gtaggagaga ctgtctagat gttggggcag ctctatgatt1200
30  taagtctgta acatgttata actgaattta gtaccctagt tttgttaagc tattaggatt1260
    ttctaataga acttactccc cctgcctccc cagccttatg tttcttttaa tgacttctgg1320
    atcctgagct ccctttgcag tctgaaaaag gtattgcagt cagaactgtg tactgatgat1380
    aaaagcctct ggtagcaata aaaagtgtgc ctttaaaaaa aaaaaaaaaa gggaaaagag1440
    gaagggaggg aatgaagtcg ggaggggagg aatgaaaaag ggggggccc ccc 1493
35

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 1135 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64:

5  
 10  
 15  
 20  
 25

```

cacaggtcca cagagtccct ggttcactgt gactcctgca tgccagccca catgaatcgg 60
gctaaggtcc ctgggggtgc agatggtact gctgaggtcc cgggcttagt gtgagcatct 120
tgccagcctc aggcttgagg gagggctggg ctagaaagac cactggcaga aacaggaggc 180
tccggcccca caggtttccc caaggcctct caccctactt cccatctcca gggaagcgtc 240
gccccagtgg cactgaagtg gccctccctc agcggaggggg tttgggagtc aggcttgggc 300
aggaccctgc tgactcgtgg cgcgggagct gggagccagg ctctccgggc ctttctctgg 360
cttccttggc ttgcctggtg ggggaaggga aggaggggaa gaaggaaagg gaagagtctt 420
ccaaggccag aaggaggggg acaacccccc aagaccatcc ctgaagacga gcatccccct 480
cctctccctg ttagaaatgt tagtgcccg cactgtgccc caagttctag gccccccaga 540
aagctgtcag agccggccgc cttctccctt ctcccaggga tgctctttgt aaatatcgga 600
tggtgtgtgg agtgaggggt tacctccctc gcccacaggt tccagaggcc ctaggcgga 660
tggtctcgct gaacctcgag gaactccagg acgaggagga catgggactt gcgtggacag 720
tcagggttca cttgggctct ctctagctcc ccaattctgc ctgcctctc cctcccagct 780
gcactttaac cctagaaggt ggggacctgg ggggaggagc agggcaggcg ggcccataaa 840
gaaagccctt cggtgcccag cactgtctgc gtctgtctt ctgtgccag ggtggctgcc 900
agcccactgc ctctgcctg gggtgccctg gccctcctgg ctgttgccag gcgggcttct 960
ggagcttgtc accattggac agtctccctg atggaccctc agtcttctca tgaataaatt1020
ccttcaacgc caaaaaaaaa aaaaaaacag cccgggggga cccactagtt ctagagcggc1080
cgccaccgcg gtggagctcc agcttttgtt cccttttagt agggttaatt tcgag 1135

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1271 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65:

55

```

acgttggaag agtttactgc accaattact tatctcattc tgcttacact acctcatccg 60
cttcttcacc ttcttcacat taatcatcat catcatcttc aatagcttct ccagtaaaat 120
ataacactga tcttgggatt atacgctcac gtaaaaagtg accaatttctg aagtctgcag 180
caaggatagc ttcagcatca tcattccagat ctccactctc aggaacttca ggagggggca 240
aaaagttaaa gaaagagtca ttggaaactg ttttagtcac agtacgaact gtccccacgtc 300

```

```

ccttgtgttt ctgcttcttc ttaatagttt tcaaagtgtc attctttcct tttttccaat 360
ctatctggca cccgtgtaca cccataatct ctggtccatc aaaagaaaag ggatcagaat 420
catctgggtc tgacctcatc ctgtatgtct ttgtcagcac ttcatttgta aaatattcat 480
tgggttcaaa gtgaaattct aagacaaaac tcataggctg gccagcatct gagaacttca 540
5 ctttaatatc tttcaagtgc ttcagaatag gttcatcgtg ttctgaacc atatcactga 600
gcaagtcaac attcttaaaa acagttaacc aaaattcagg aattcctttg gggctcttct 660
tttcttcac ctttttctca tcttcaatct tggccttttc tttcaattcc tccgaaatct 720
catcttcttc atctgggttc cattcacatt ctcttccgt aggttcataa attgcattaa 780
taatttcaaa tcgcttatca aatagaggct gatagagaac agcatacttc ctttcaagat 840
10 catgaacttc ctcatagaat ttggcttcta tctgtgcaca ttaacttgc aggtttttga 900
gagcattcac tcgtctttta actaccctag gcaggctttc aatgtatcct gttggtgttt 960
ctaccagacc atcaagtctt tcttgaaggc ctgcaagaat ctgaggattt tgcattcatct 1020
gaacagttag ctgacgtgct ttgagttttg tttcttcacc agtttctctt tcttctactt 1080
cttcaacatc atccaaatct tgatcaagtt cagactgttc tttgttgta atgtctgccal 1140
15 tgttgtaaga actccaaata tcggcgacta gtatggggag ccaggcggcc ggactgcgcal 1200
ggcagtgact caggcggccg gcggcagcag cagcgggagg agcaggaggc ggcgcgcgcal 1260
gcagatggcg c 1271

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 887 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66:

```

45 cgccccggcg caagcgccaa gagcgggtgc gtctatggtc atgacgtctg acagagcgtc 60
caccgtctct cgacaggact ctatggttct tacgcgcgca gacagaccgc ctatataagc 120
catgcgcagg cggaggagcg cctctttccc ttcgggtgtc cactgaagat cctggtgtcg 180
ccatgggccc ccgccccgcc cggttggtacc ggtattgtaa gaacaagccg tacccaaagt 240
ctcgcttctg ccgagggtgc cctgatgcca agattcgcat tttgacctg gggcggaaaa 300
50 aggcaaaagt ggatgagttt ccgctttgtg gccacatggt gtcagatgaa tatgagcagc 360
tgtcctctga agccctggag gctgcccga tttgtgcca taagtacatg gtaaaaagt 420
gtggcaaaaga tggcttccat atccgggtgc ggctccacc cttccacgtc atccgcatca 480
acaagatggt gtcctgtgct ggggctgaca ggctccaaac aggcattgca ggtgcctttg 540
gaaagcccca gggcactgtg gccagggttc acattggcca agttatcatg tccatccgca 600
55 ccaagctgca gaacaaggag catgtgattg aggccctgcg cagggccaaag ttcaagtttc 660
ctggccgcca gaagatccac atctcaaaga agtggggcct caccaagttc aatgctgatg 720
aatttgaaaga catggtggct gaaaagcggc tcatcccaga tggctgtggg gttcaagtac 780

```

atccccagtc gtggccctct ggacaagtgg cgggccctgc actcatgagg gcgttcaagg840  
 tgctgcccc ctgcttaaag ctgagccgat agattgactt gctgtgc 887

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1487 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67:

30

tttttttttt	tttttttttt	tttttttttt	tatcaacatt	tatatgcttt	attgaaagtt	60
gacaagtgca	acagttaa	acagtgcac	cttacaattg	tgtagagaac	atgcacagaa	120
acatatgcat	ataactacta	tacagggtgat	atgcagaaac	ccctactggg	aaatccattt	180
cattagtttag	aactgagcat	ttttcaaagt	attcaaccag	ctcaattgaa	agacttcagt	240
35 gaacaaggat	ttacttcagc	gtattcagca	gctagatttc	agattacaca	aagtgagtaa	300
ctgtgccaaa	ttcttaaaa	ttctttaggt	gtggtttttg	tcatgtagca	gtttttatgt	360
agatctatat	ataaaagtcc	acacctctc	agacagccaa	tgaaacaact	aaatttcaat	420
ctgtacaacc	taaatagtag	ttacagtcct	ctattgtaca	aaatagttac	actacataca	480
caaataataca	ataagcaaaa	caaccttcat	ggtaagatag	cctaggtccc	agctacctgt	540
40 caccattttg	tactctcat	agttttgtgt	catccattgt	ttgagaagaa	agaggcacag	600
tactattgtt	tttatgaat	tttggtgaca	gttgtaaaat	ttgtacagt	aactctgttc	660
cccctcattt	tagtctttt	accctccttt	caagttcttc	ctgggggggag	gagaggagag	720
aggcgagtc	agtgaggagc	tccatcgctt	cacaacccca	tgtaggacac	taagcgcaag	780
caggagagag	aacccttgga	agtgagggtg	agggagccg	aagggatgga	aaggcacaca	840
45 gtccttgagc	atgaattaaa	ccatttctca	gatattctgcc	aagctgcatg	aggtcccggg	900
atatcccatgc	taattctcgg	attaaccttt	aattcaccca	actaagaaat	ttctccaagc	960
cataagcata	tgagtgttta	atactggaaa	agagataatg	gcatatgtca	gtctcacgtc	1020
tctttcgcag	cgagcaatga	aatgggtgac	tgtggaggca	gattctccct	agcacatctt	1080
ctccgtctgt	tcagttcaca	cgcagcagcc	agttctgcgg	gggcataggc	agctatgcgg	1140
50 ttggtcctga	gccctgcgat	gctggctggg	cggggggctg	tgtggtgccc	tgtggtcggg	1200
tggtggcagg	gggggagcca	gtctgcagct	gggcctgaaa	ctgggcaagc	tgctcaggac	1260
tggccagtgt	cttcagcaga	ttgttctcct	gtccagctg	ggaatttttc	tctattagtt	1320
ctttgatttg	ctctttgagg	acctccactt	cttctctgac	cgcatacatc	aaatggcttt	1380
tcactagatc	catagcttgc	tcgattttgt	tgtcaatagc	taccacactt	gcaccagagg	1440
55 aggtttaagg	gagtcagacc	ccggtccccc	gagctgtgtc	ccgcggc		1487



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 869 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68:

30 gggctcaggt gcgggacctg gaggagaaac tagagaccct gagactgaaa cgggcagaag 60  
 acaaagcaaa gctaaaagag ctggagaaac acaaaatcca gctggagcag gtgcaggaat 120  
 ggaagagcaa aatgcaggag cagcaggccg acctgcagcg gcgcctcaag gaggcgagaa 180  
 aggaagccaa ggaggcgtg gaggcaaagg aacgctatat ggaggagatg gctgatactg 240  
 ctgatgccat tgagatggcc actttggaca aggagatggc tgaagagcgg gctgagttccc 300  
 tgcagcagga ggtggaggca ctgaaggagc ggggtggacga gctcactact gacttagaga 360  
 tcctcaaggc tgagattgaa gagaagggtc cagatggcgc tgcattccagt tatcagctca 420  
 35 agcagcttga ggagcagaat gcccgcctga aggatgccct ggtgaggatg cgggatcttt 480  
 cttcctcaga gaagcaggag catgtgaagc tccagaagct catggaaaag aagaaccaag 540  
 agctggaaagt tgtgaggcaa cagcgggagc gtctgcagga ggagctaagc caggcagaga 600  
 gcaccattga tgagctcaag gagcagggtg atgctgctct ggggtgctgag gagatgggtg 660  
 agatgctgac agatcggaac ctgaatctgg aagagaaagt gcgcgagttg agggagactg 720  
 40 tgggagactt ggaagcgtat aatgagatga acgatgagct gcaggagaat gcacgtgaga 780  
 cagaactgga gctgcgggag cactgggaca tggcaggcgc gcgggttcgt gaggccaga 840  
 agcgtgtgga ggcagcccag gagacggttgc cagactacca gcagaccatc aagaagtacc 900  
 gccagctgac cgcccatcta caggatgtga atcgggaact gacaaaccag caggaagcat 960  
 ctgtggagag gcaacagcag ccacctccag agacctttga cttcaaaatc aagtttgctg1020  
 45 agactaaggc ccatgccaag gcaattgaga tgggaattgag gcagatggag gtggcccagg1080  
 ccaatcgaca catgtccctg ctgacagcct tcatgcctga cagcttcctt cggccagggtg1140  
 gggaccatga ctgctgtctg gtgctgttgc tcatgcctcg tctcatttgc aaggcagagc1200  
 tgatccggaa gcaggcccag gagaagtttg aactaagtga gaactgttca gagcggcctg1260  
 ggctgcgagg agctgctggg gagcaactca gctttgctgc tggactgggtg tactcgctga1320  
 50 gcctgtgca ggccacgcta caccgctatg agcatgccct ctctcagtgc agtgtggatg1380  
 tgataagaa agtgggcagc ctgtacctgc agatgagtgcc ccatgagcgc tccttggtt1440  
 tcctcattga actgctgcac aaggatcagc tggatgagac tgtcaatgtg gagcctctca1500  
 ccaaggccat caagtactat cagcatctgt acagcatcca ccttgccgaa cagcctgagg1560  
 actgtactat gcagctggct gaccacatta agttcacgca gactgctctg gactgcatga1620  
 55 gtgtggaggt aggacggtg cgtgccttct tgcagggtgg gcaggaggct acagatattg1680  
 ccctcctgct ccgggatctg gaaacttcat gcagtgcacat ccgcccagttc tgcaagaaga1740  
 tccgaaggcg aatgccaggg acagatgctc ctgggatccc agctgcactg gcctttggac1800

```

cacagggtatc tgacacgctc ctagactgca ggaaacactt gacgtgggtc gtggctgtgc1860
tgcaggaggt ggcagctgct gctgcccagc tcattgcccc actggcagag aatgaggggc1920
tacttgtggc tgctctggag gaactggctt tcaaagcaag cgagcagatc tatgggaccc1980
cctccagcag cccctatgag tgtctgcgcc agtcatgcaa catcctcatc agtaccatga2040
5 acaagctggc cacagccatg caggaggggg agtatgatgc agagcggccc cccagcaagc2100
ctccaccggt tgaactgcgg gctgctgccc ttcgtgcaga gatcacagat gctgaaggcc2160
tgggtttgaa gctcgaagat cgagagacag ttattaagga gttgaagaag tcaactcaaga2220
ttaagggaga ggagctaagt gaggccaatg tgcggctgag cctcctggag aagaagttgg2280
acagtgcctc caaggatgca gatgagcgca tcgagaaagt ccagactcgg ctggaggaga2340
10 cccaggcact gctgcgaaag aaggagaaag agtttgagga gacaatggat gcactccagg2400
ctgacatcga ccagctggag gcagagaagg cagaactaaa gcagcgtctg aacagccagt2460
ccaaacgcac gattgaggga ctccggggcc ctccctcctc aggcattgct actctggctct2520
ctggcattgc tgggtaagaa cagcagcgag gagccatccc tgggcaggct ccagggtctg2580
tgccaggccc agggctggtg aaggactcac cactgctgct tcagcagatc tctgccatga2640
15 ggctgcacat ctcccagctc cagcatgaga acagcatcct caaggaggcc cagatgaagg2700
catccttggtc atccctgccc cctctgcatg ttgcaaagct atcccatgag ggccctggca2760
gtgagttacc agctggagcg ctgtatcgta agaccagcca gctgctggag acattgaatc2820
aattgagcac acacacgcac gtagtagaca tcaactcgac cagccctgct gccaaagagcc2880
cgctcgccca acttatggag caagtggctc agcttaagtc cctgagtga accgtcgaga2940
20 agctcaagga tgaggtcctc aaggagacag tatctcagcg ccctggagcc acagtaccca3000
ctgactttgc caccttcctc tcatcagcct tcctcagggc caaggaggag cagcaggatg3060
acacagtcta catgggcaaa gtgaccttct catgtgcggc tggttttgga cagcgacacc3120
ggctgggtgct gaccagggag cagctgcacc agcttcacag tcgcctcatc tcctaagcac3180
tcctttcccc tgctgtcccc ttcgacctc agccctctgg tgccgctctg cccgatgcac3240
25 agccacctca gccagcccc aggtagaaac gtgggttaag ctcttcctgc cccgttcagc3300
ttcactccca cccttccagc gtctgcccc ttcacctga cccgggttcc cccactccca3360
ttccctggcc tctgccataa tttgtgttc aactgtccc tccttcctga ggggcctcag3420
ggcttggtgg gggtaggtg agacccacc accaaagggt aagtgaggtc cccttgattg3480
aggacttcac cccttgatta aagcaacttc tgcttcagtg aaaaaaaaaa aaaa 3534
30

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 369 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:69:

atcttggttc cgcgttccct gcacaaaatg cccggcaggt tacaggagtt actagagtca 60

ctatccggaa atctaagaat atcctctttg tcatcacaaa accagatgtc tacaagagcc120  
 ctgcttcaga tacttacaga gggtttgggg aagccaagat cgaagattta tcccagcaag180  
 cacaactagc agctgctgag aaattcaaag ttcaaggtga agctgtctca aacaatcaag240  
 aggacacaca gactccaacg gtacaagagg ggagtggggg ggaagaggtc gatgaaacag300  
 5 gtgtaggggt tagggccatt gaattggtca tgtcacaaag ccatgtgtcg agagcggagg360  
 cggtccgac 369

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 915 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:70:

ctcgagccgc ccgagccgct cggctgtttt cctgcgcagg agccgcaggg ccgtaggagg 60  
 35 ccatggcgcc cagccggaat ggcattgtct tgaagcccca ctccacaag gactggcagc120  
 ggcgcgtggc cacgtggttc aaccagccgg cccgtaagat ccgcagacgt aaggcccggc180  
 aagccaaggc gcgcgcgcatc gccccgcgcc ccgcgtcggg tcccatccgg cccatcgtgc240  
 gctgccccac gggtcggtag cacacgaagg tgccgcgcgg ccgcggcttc agcctggagg300  
 agctcagggt ggccggcatt cacaagaagg tggcccgac catcggcatt tctgtggatc360  
 40 cgaggaggcg gaacaagtcc acggagtccc tgcaggccaa cgtgcagcgg ctgaaggagt420  
 accgctccaa actcatcctc ttccccagga agccctcggc cccaagaag ggagacagtt480  
 ctgctgaaga actgaaactg gccaccacgc tgaccggacc ggtcatgccc gtccggaacg540  
 tctataagaa ggagaaagct cgagtcacat ctgagggaaga gaagaatttc aaagccttcg600  
 ctagtctccg tatggcccggt gccaacggcc ggctcttcgg catacgggca aaaagagcca660  
 45 aggaagccgc agaacaggat gttgaaaaga aaaaataaag ccctcctggg gacttggaat720  
 cagtcggcag tcatgctggg tctccacgtg gtgtgtttcg tgggaacaac tgggcctggg780  
 atggggcttc actgctgtga ctctctctc ccaggggatt tggggcttac ttgaaagaca840  
 gtccaagccc tgggataata ctttactttc tgtgttgaaa cactgtgagt atggtggcat900  
 50 agggactgat gtaga 915

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2150 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:71:

```

cggcggcctt ggcgtgctgg cggccggagt ggacgcggat gtcctcctgg aggcctgctg 60
tgcgacgga caccggatgg ccactcatca gaaggactgc tcgctgccat atgctacgga 120
atccaaagaa tgcaggatgg tgcaggagca gtgctgccac agccagctgg aggagctgca 180
25 ctgtgccacg ggcacagacc tggccaacga gcaggaccgc tgtgccacgc cccacggtga 240
caacgccagc ctggaggcca catttggtgaa gaggtgctgc cattgtgtgc tgctggggag 300
ggcgccccag gccaggggcc agagctgcga gtacagcctc atggttggt accagtgtgg 360
acaggctctc cgggcatgct gtgtcaagag ccaggagacc ggagatttg atgtcggggg 420
cctccaagaa acggataaga tcattgaggt tgaggaggaa caagaggacc catatctgaa 480
30 tgaccgtgc cgaggaggcg ggccctgcaa gcagcagtgc cgagacacgg gtgacgaggt 540
ggtctgctcc tgcttcgtgg gctaccagct gctgtctgat ggtgtctcct gtgaagatgt 600
caatgaatgc atcacgggca gccacagctg ccggcttggga gaatcctgca tcaacacagt 660
gggctcttcc cgctgccagc gggacagcag ctgcgggact ggctatgagc tcacagagga 720
caatagctgc aaagatatgg acgagtgtga gagtggatt cataactgcc tccccgatt 780
35 tatctgtcag aatactctgg gatccttccg ctgccgaccc aagctacagt gcaagagtgg 840
ctttatacaa gatgctctag gcaactgtat tgatatcaat gagtgttga gtatcagtc 900
cccgtgccct attgggcata catgcatcaa cacagagggc tcctacacgt gccagaagaa 960
cgtgcccaac tgtggccgtg gctaccatct caacgaggag ggaacgcgct gtgttgatgt 1020
ggacgagtgc ggcacacctg ctgagccctg tgggaaggga catcgctgcg tgaactctcc 1080
40 cggcagtttc cgctgcgaat gcaagacggg ttactatttt gacggcatca gcaggatgtg 1140
tgtcgatgtc aacgagtgcc agcgtacccc cggcgccctg tgtggccaca agtgcgagaa 1200
cacgctgggc tcctacctct gcagctgttc cgtgggcttc cggctctctg tggatggcag 1260
gtcatgtgaa gacatcaatg agtgcagcag cagcccctgt agccaggagt gtgccaacgt 1320
ctacggctcc taccagtgtt actgccggcg aggtaccag ctacgcgatg tggatggagt 1380
45 cacctgtgaa gacatcgacg agtgcgccct gccaccggg ggccacatct gctcctaccg 1440
ctgcatcaac atccctggaa gcttccagtg cagctgcccc tcgtctggct acaggctggc 1500
ccccaatggc cgcaactgcc aagacattga tgagtgtgtg actggcatcc acaactgctc 1560
catcaacgag acctgcttca acatccaggg cggcttccgc tgcttgccct tcgagtggcc 1620
tgagaactac cgccgctccg cagccacccc ctgtgagcgc ttgccttgcc atgagaatcg 1680
50 ggagtgtccc aagctgcctc tgagaataac ctactaccac ctctctttcc ccaccaacat 1740
ccaagcgcgc gcggtggttt tccgcatggg cccctccagt gctgtccccc gggacagcat 1800
gcagctggcc atcaccggcg gcaatgagga gggttttttc accaccggga aggtgagccc 1860
ccacagtggg gtgggtggcc tcaccaagcc tgtccccgag cccagggact tgctcctgac 1920
cgtcaagatg gatctctctc gccacggcac cgtcagctcc tttgtggcca agcttttcat 1980
55 ctttgtgtct gcagagctct gagcactcgc ttgcgctcgc ggggtctccc tcctgttgct 2040
ttcctaaccg tgccctcccg ggcgttaata aagtcttagc aagcgtccca cacagtgaaa 2100
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2150

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:72:

25 cagcagcgag ccggtgtgcg gcaggacgcc aacacctag ccaacctgtg ccagctgcgc 60  
 gccgccagcc gccgctccga gaggtgcac cggccgccg tcatcgctct gcagcgcgga 120  
 gcctgcggcc aagggcagga agatcccaac agtttgcgcc ataaatataa ctttatcgcg 180  
 30 gacgtggtgg agaagatcgc ccctgccgtg gttcatatcg aattgtttcg caagcttccg 240  
 ttttctaaac gagaggtgcc ggtggctagt gggctctgggt ttattgtgtc ggaagatgga 300  
 ctgatcgtga caaatgccca cgtggtgacc aacaagcacc gggcacaagt tgagctgaag 360  
 aacggtgcc cttacgaagc caaaatcaag gatgtggatg agaaagcaga catcgcactc 420  
 atcaaaattg accaccaggg caagctgcct gtcctgctgc ttggccgctc ctgagagctg 480  
 35 cggccgggag agttcgtggt cgccatcgga agcccgtttt cccttcaaaa cacagtcacc 540  
 accgggatcg tgagcaccac ccagcgaggg ggcaaagagc tggggctccg caactcagac 600  
 atggactaca tccagaccga cgccatcatc aactatggaa actcgggagg cccgttagta 660  
 aacctggacg gtgaagtgat tggaattaac actttgaaag tgacagctgg aatctccttt 720  
 gcaatcccat ctgataagat taaaaagttc ctcacggagt cccatgaccg acaggccaaa 780  
 40 ggaaaagcca tcaccaagaa gaagtatat ggtatccgaa tgatgtcact cacgtccagc 840  
 aaagccaaag agctgaagga ccggcaccgg gaatttccag acgtgatctc aggagcgtat 900  
 ataattgaag taattcctga taccacagca gaagctggtg gtctcaagga aaacgacgtc 960  
 ataatcagca tcaatggaca gtccgtggtc tccgccaatg atgtcagcga cgtcattaaa1020  
 agggaaaagca ccctgaacat ggtggtccgc agggtaatga agatatcatg atcacagtga1080  
 45 ttcccgaaga aattgaccga taggcagagg catgagctgg acttcatggt tccctcaaag1140  
 actctcccgt ggatgacgga tgaggactct gggctgctgg aataggacac tcaagacttt1200  
 tgactgccat tttgtttggt cagtggagac tccctggcca acagaatcct tcttgatagt1260  
 ttgcaggcaa aacaaatgta atgttgaga tccgcaggca gaagctctgc cttctgtat1320  
 cctatgtatg cagtgtgctt tttcttgcca gcttgggcca ttcttgctta gacagtcagc1380  
 50 atttgtctcc tcctttaact gagtcacat cttagtccaa ctaatgcagt cgatacaatg1440  
 cgtagataga agaagcccca cgggagccag gatgggactg gtcgtgtttg tgcttttctc1500  
 caagtcagca cccaaaggct aatgcacaga gaccccggtt gggtagcgcg tggcttctca1560  
 aacggccgaa gttgcctctt tttaggaatc ctttggaatt gggagcacga tgactctgag1620  
 tttgagctat taaagtactt cttacacatt gaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaaaa1680  
 55 aaaaaagccg aaaagggagg gaaag 1705

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1565 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74:

25  
 gggggcgagc ggaggggctg aggggaggag aggcctggcg gggctctgcc agcgtccccg 60  
 gccacgtctg tgctctgtcc ttgtgtaatg gaatgcaaaa aagccaagcc ctccgcctag 120  
 aggtccccctc acgtgaccag ccccggtgtag ccccgggctg acccagtggtg tgctcagcag 180  
 cccacaccca cctgcccct tgctctctca gagcctcagc ttctggggga gacatgctct 240  
 30 cccacaggg gggaggcact aagtcattggt cctggctgga aggtactgaa ggcttctgca 300  
 gctttggctg cagctcacc tcctgagcct cacttttctt gccgtccctc ctgttgtaga 360  
 atcaccacat tctgtctctg cttggcttcc cctccaccct aaagtctcag gtgacggact 420  
 cagactcctg gcttcattgt gcatctctc tgctcagtga tctcacttaa atctatatac 480  
 aaagccttg tgccgtgaaa aactcgtgtg gccaccagc ggccttgaag aggcaggtct 540  
 35 gggccagatg ctgggcagga aacccagcg gcagatgggc ctgtgtgcac ccaacgtgat 600  
 gctatgcatg tctgaccgac gatccctcga ccagaatcag attcaggagc tcagtctctt 660  
 ttctacttgg gtctctggat tcctgtcata gggaaggat atcaggaggg gaagaggcct 720  
 ttctagaatt ttctttgagc aggttttcaa tttagcttac atttttcgac tgtgaacgtg 780  
 aataggctgc tttttgcttt cttctttcca gacccacag tagagcactt ttcacttatt 840  
 40 tgggggaggc ttcaggggac tgttctcacc ttaactcagc cagaaagatg ccctagttgt 900  
 gatcaaaggt aactcgaggt ggagggtagc cctggggccc ctcgacatca ccgtcattga 960  
 tggagcctga accgtgtgct cctcggcaga tgctgtgtt gttacttccc tccaagaggc 1020  
 tggaaaagg ctcagagctg ctgagcagga accggagggt gaccatttc aggaggtgcc 1080  
 ggtaccagcc tgactaggtg caggcaagct tgtgtgggcc caacaggccc ttggtagagc 1140  
 45 tgggtgccaga tgtgggctca gatcctgggc atgatgggcc gagccacctc ggatccactt 1200  
 gattggccag ccgagcgaga accaggctgc tgcatggcac tgaccgccgc ttccagcttc 1260  
 ctctgagccg cagggcctgc tacgcgggca agcgtgctgc ctctcttctg tgcgttttg 1320  
 ttgccaaaggc agaataaaaa gtccttaacc gtggactctt cctttatccc ctctttacc 1380  
 ccacatatgc aatgactttt aattttcact tttgtagttt aatcctttgt attacaacat 1440  
 50 gaaatatagt tgcatatatg gacaccgact tgggaggaca ggtcctgaat gtcctttctc 1500  
 cagtgtaca tggttttact acaataaaaa ttctttcagc aagttccttg tctttctctc 1560  
 tggga 1565

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4750 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:76:

```

25  gcgttcgagt gatgccttgc accccaacct ggcccccggc gccgcccacg cccagccccg 60
    actccagcca gcgcctccct ccaccccagg acgccactca ttcatctca ttaagggaa 120
    aaatatatat ctatctatctt gaggaactg aggacctcg aatctctagc aagggtcaa 180
    cttcgaaaat ggcaacaaca gagatgcaaa aagctaaaaa gacaccccc ccctttaaat 240
    ggttttcttt ttgaggcaag ttgatgaac agagaaggga agagaggaa aacgagagga 300
    agagaaggga aggaagtgtt tgtgtagaag agagagaaa acgaatagag ttaggaaaag 360
30  gaagacaagc aggtgggcag gaagacatg caccgagacc aggcaggggc ccaactttca 420
    cgtccagccc tggcctgggg tcgggagagg tggcgctag aagatgcagc ccaggatgtg 480
    gcaatcaatg aactattgg ggtttcccag gatggattgg tcagggggag aaaggaaaag 540
    gcaaaacact ccaggacctc tcccgatct gtctcctcct ctaggcagca gtatggacag 600
    ctggaccccc gaacttcctc tctcttacc tgggcagagt gttgtctctc cccaaattta 660
35  taaaaactaa aatgcattcc attcctctga aagcaaaaca aattcataat tgagtatat 720
    taaatagaga ggttttcgga agcagatctg tgaatatgaa atacatgtgc atatttcatt 780
    cccagggcag acatttttta gaaatcaata catgccccaa tattgaaaag acttgttctt 840
    ccacggtgac tacagtacat gctgaagcgt gccgtttcag cctcattta attcaatttg 900
    taagtagcgc agagcctctg tgggggagga taggctgaaa aaaaaaagt ggctcgtatt 960
40  tatctacagg actccatata gtcatatata ggcatataaa tctattcttt ttctttgttt 1020
    ttttctttct tcctttcttt caaagggttg cattaaactti tcaaagtagt tcctatagggt 1080
    gcattgagga gcttcctcat tctgggaaaa ctgagaaaa ccatattctc ctaatacaac 1140
    ccgtaaatagc atttttgctt gcctcgaggc agagtttccc gtgagcaata aactcagctt 1200
    ttttgtgggg cacagtactg gatttgacag tgattcccca cgtgtgttca tctgcaccca 1260
45  ccgagccagg cagaggccag ccctccgtgg tgcacacagc acgcgcctca gtccatccca 1320
    ttttagtctt taaaccctca ggaagtcaac gtctccggac accacaccac atgagcccaa 1380
    caggtccacg atggatccac cagtcaccac ccagcctttt cctttcatct gaacagaatg 1440
    tgcatttttg gaagcctccc tcaactctca tgctggcaga gcaggaggga gactgaagta 1500
    agagatggca gagggagatg gtggcaaaaa ggtttagatg caggagaaca gtaagatgga 1560
50  tggttccggc cagagtcgat gtggggagga acagagggct gaaggagag ggggctgact 1620
    gttccattct agctttggca caaagcagca gaaaggggga aaagccaata gaaatttcct 1680
    tagcttcccc accatatgta ttttctagga tttagagga aagagaggaa aatgggggaa 1740
    tgggttgcaa aatagaaatg agcttaatcc aggccgcaga gccagggaag gtgagtaact 1800
    ttaggagggt gctagacttt agaagccaga taggaagaat cagtctaaac tggccatgct 1860
55  ttggaaggga caagactatg tgctccgctg cccaccttca gcctgcaatg agggactgag 1920
    gccacagag ctttccagct cttcctccat tctggccagt ccctgcatcc tccctggggt 1980
    ggaggatgga aggaaagctg ggacaagcag ggaacgcag attcaggga gctgtcactc 2040
    ggcagccaga ttccgaaact cccattctcc aatgacttcc tcaaccaatg ggtggccttg 2100

```

```

5      tgactgttct ttaaggctga agatatccag gaaagggggc ttggacactg gccaaaggaga2160
      ccccttcgtg ctgtggacac agctctcttc actctttgct catggcatga cacagcgag2220
      accgcctcca acaacyaatt tggggctacg aagaggaata gcgaaaaagc aaatctgttt2280
      caactgatgg gaacctata gctatagaac ttgggggcta tctcctatgc ccctggacag2340
10     gagagtggc tggggacagg agaagtgtc aatcttcatg agacaaagg gcccgatagg2400
      ccagcagcca caaggccttg acctgccgag tcagcatgcc ccctctctct gcacagctgt2460
      cccctaaacc caactcacgt ttctgtatgt cttaggccag tatcccaaac ctcttccacg2520
      ccactgttct ttccaccat tctccctttg catcttgagc agttatccaa ctaggatctg2580
      ccaagtggat actgggggtgc cactcccctg agaaaagact gagccaggaa ctacaagctc2640
15     ccccccacatt cctcccagcc tggacctaat tcttgagagg ggctctctct tcacggactg2700
      tgtctggact ttgagcaggc ttctgcccct tgcgttggct ctttgctgcc agccatcacg2760
      tgggggatta gagcctggtg taagtgcgc agactcttcc ggtttccaaa gttcgtgcct2820
      gcgaacccaa acctgtgagt ctcttctgca tgcaggagtt tctcctgggc agctggtcac2880
      tccccagaga agctgggcct tcatggacac atggaactaa gcctcccaa tgggagttct2940
20     ggctgagccc aggggtgggga gatcctggga agggaggcac tggaggaa ga cggcacctct3000
      tcccccatgg cagggtgtga gggaggcagg tttggaatgg tgcgagtatg gcaatctaag3060
      cagggtgtct gtctctttga ctccaggctg gcctttggcc gactgtctgc tcaccagag3120
      accttgact ccggactatc catggctccg aatctaagt ctgcccactc ccattgctcac3180
      acccacagaa ggtcttccca tcccccttag attcgtgcct cactccacca gtgaggaaga3240
25     tgcctctgtc ttcccacga ctgccaggag atagggaagc ccagccagga ctgaccctcc3300
      ttccctcagc ctgccctgac ccacctggca aagcagggca catggggagg aagagactgg3360
      aacctttctt tgacagccag gcctagacag acaggcctgg ggacactggc cccatgagg3420
      gaggaaggca ggcgcacgag gtccaggag gcccttttct gatcatgcc cttctctccc3480
      accccatctc cccaccacca cctctgtggc ctccatggta cccccacagg gctggcctcc3540
30     cctagagggt gggcctcaac cacctgtctc cgccacgcac cggttagtga gacagggtc3600
      ccacggcaac cgccaagccc ccctcaaggt gggacagtac cccggacca tccactcact3660
      cctgagaggg ctccggccca gaatgggaac ctacagaga agctctaagg agaagaaacc3720
      ccatagcctc agagaggata tgtctggtt ccaagagaaa ggaggctccg ttttgcaaag3780
      tggaggagg acgagggaca ggggtttcac cagccagcaa cctgggcctt gtactgtctg3840
35     tgtttttaa accactaaag tgcaagaatt acattgcact gtttctccac tttttat3900
      ctcttaggct tttgtttcta tttcaaact actttcttg ttttctaag gagtatatag3960
      ttttagtcatt tcacagactc tggcctcctc tctgaaatc cttttggat gggaaaggga4020
      aggtggggag ggtccgagg gaaggggacc ccagcttccc tgtgcccgt caccctc4080
      caccagtcct cggtcgccag ccggagtctc ctctctacc ccactgtcac accgtagccc4140
40     acatggatag cacagttgtc agacaagatt ccttcagatt ccgagttgcc taccggttgt4200
      tttcgttgtt gtgtgtgtt tttttcttt tcttttttt tttgaagaca gcaataacca4260
      cagtacatat tactgtagtt ctctatagtt ttacatacat tcataccata actctgttct4320
      ctctctttt tggttttcaa ctttaaaaac aaaaataaac gatgataatc tttactggtg4380
      aaaaggatgg aaaaataaat caacaaatgc aaccagttt tgagaaaaaa aaaaaaaaag4440
45     ccgaaaaaaa aaaaaaaaa acctgaatgc ggaagagctc ggctcccgt tagcattttg4500
      tacttaagga aataaaaaac caacaaagga tctcacatt tcttaaaaag tgaagattgc4560
      tgtatactat ttattcaact tataatttat gttactcct gatctttgtc tttgtcatg4620
      acaaagcatt tatttaataa agttatgcat tcagttaaaa aaaaaaaaaa ggcggcgaaa4680
      ggtgtcagag acagggggga tgggggatga ggatgaggg ggagggacgg taggtgtggg4740
      ggggggcccc 4750

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

### 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1505 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77:

15 acccacgtgg cggtccagc gtgcaccctt ctttgtgctc gggtaggag gagctaggct 60  
gccatcgggc cggtgcagat acgggggtgc tcttttgctc ataagagggg cttcgctggc 120  
agtctgaacg gcaagcttga gtcaggaccc ttaattaaga tcctcaattg gctggagggc 180  
agatctcgcg agtagggcaa cgcggtaaaa atattgcttc ggtgggtgac gcggtacagc 240  
tccccaaagg cgttcgtaac gggaatgccg aagcgtggga aaaaggagc ggtggcggaa 300  
gacggggatg agctcaggac agagccagag gccaagaaga gtaagacggc cgcaaaqaaa 360  
20 aatgacaaaag aggcagcagg agaggggcca gccctgtatg aggaccccc agatcagaaa 420  
acctcaccce gtggcaaacc tgccacactc aagatctgct cttggaatgt ggatgggctt 480  
cgagcctgga ttaagaagaa aggattagat tgggtaaagg aagaagcccc agatatactg 540  
tgctttcaag agaccaaag ttcagagaac aaactaccag ctgaacttca ggagctgcct 600  
ggactctctc atcaatactg gtcagctcct tcggacaagg aagggtacag tggcgtgggc 660  
25 ctgctttccc gccagtggcc actcaaagtt tcttacggca taggcgagga ggagcatgat 720  
caggaaggcc ggggtgattgt ggctgaattt gactcgtttg tgctggtaac agcatatgta 780  
cctaattgag gccgagggtc ggtacgactg gtagtaccgc agcgtctggg tgaagccttt 840  
cgcaagtccc tgaagggcct ggcttcccga aagccccctg tgctgtgtgg agacctcaat 900  
gtggcacatg aagaaattga ccttcgcaac cccaaggga acaaaaagaa tgctggcttc 960  
30 acgccacaag agcgccaagg cttcggggaa ttactgcagg ctgtgccact ggctgacagc1020  
tttaggcacc tctaccccaa cacaccctat gcctacacct tttggactta tatgatgaat1080  
gtcgtatcca agaattgttg ttggcgctt gattactttt tgttgtccca ctctctgtta1140  
cctgcattgt gtgacagcaa gatccgttcc aaggccctcg gcagtgatca ctgtcctatc1200  
acctataacc tagcactgtg acaccacccc taaatcactt tgagcctggg aaataagccc1260  
35 cctcaactac cattccttct ttaaacactc ttcagagaaa tctgcattct atttctcatg1320  
tataaaacta ggaatcctcc aaccaggctc ctgtgataga gttcttttaa gcccaagatt1380  
ttttatttga ggggtttttt ttttttaaaa aaaaattgaa caaagactac taatgacttt1440  
gtttgaatta tccacatgaa aataaagagc catagtttca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1500  
40 aaaaa 1505

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 2008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:78:

10  
 gcgctccccg cctgcgccca ggcggcgcg cccgcgcccc gtcctcgggc ggtcatgctg 60  
 cccctctgcc tcgtggccgc cctgctgctg gccgcccggc ccgggccgag cctgggcccac 120  
 gaagccatcc actgcccgcc ctgctccgag gagaagctgg cgcgctgccg cccccctgtg 180  
 ggctgcgagg agctgggtcg agagccgggc tggggctgtt gcgccacttg cgccttgggc 240  
 15 ttggggatgc cctgcggggt gtacaccccc cgttgcggct cgggcctcgc ctgctaccgc 300  
 ccccgagggg tggagaagcc cctgcacaca ctgatgcacg ggcaaggcgt gtgcatggag 360  
 ctggcgagga tcgaggccat ccaggaaagc ctgcagccct ctgacaagga cgagggtgac 420  
 ccccccaaca acagcttcag cccctgtagc gcccatgacc gcagtgcctg cagaagcact 480  
 tcgcaaaaat tcgagaccgc agcaccagtg ggggcaagat gaaggtcaat ggggcgcccc 540  
 20 gggaggatgc ccggcctgtg ccccagggtc cctgccagag cgagctgcac cgggcgctgg 600  
 agcggctggc cgcttcacag agccgacccc acgaggacct ctacatcatc cccatcccc 660  
 actgcgaccg caacggcaac ttccaccccc agcagtgtca cccagctctg gatgggcagc 720  
 gtggcaagtg ctgggtgtgtg gaccggaaga cgggggtgaa gcttccgggg ggccctggagc 780  
 caaaggggga gctggactgc caccagctgg ctgacagctt tcgagagtga ggcttggcag 840  
 25 caggccaggg actcagcgtc ccctgtact cctgtgctct ggaggctgca gagctgaccc 900  
 agagtggagt ctgagtctga gtccgtgtct tgcctcgggc ccagaagttt cccctcaaatg 960  
 cgcgtgtgca cgtgtgcgtg tgcgtgcgtg tgtgtgtgtt tgagcatggg tgtgcccttg1020  
 gggtaagcca gagcctgggg tgttctcttt ggtgttacac agcccaagag gactgagact1080  
 ggcacttagc ccaagaggtc tgagccctgg tgtgtttcca gatcgatcct ggattcactc1140  
 30 actcactcat tccttctact atccagccac ctaaaaacat ttactgacca tgtactacgt1200  
 gccagctcta gttttcagcc ttgggagggt ttattctgac ttctctgat tttggcatgt1260  
 ggagacactc ctataaggag agttcaagcc tgtgggagta gaaaaatctc attcccagag1320  
 tcagaggaga agagacatgt accttgacca tcgtccttcc tctcaagcta gccagagggt1380  
 gggagccata ggaagcgtgg ggtagcagat ggagtaatgg tcacgagggt cagacccact1440  
 35 cccaaagctc agacttgcca ggctcccttt ctcttcttcc ccaggctcct cctttaggtc1500  
 tgggtgttgc accatctgct tgggtgctg gcagctgaga gccctgctgt gggagagcga1560  
 aggggggtcaa aggaagactt gaagcacaga gggctaggga ggtggggtac atttctctga1620  
 gcagtcaggg tgggaagaaa gaatgcaaga gtggactgaa tgtgcctaata ggagaagacc1680  
 cacgtgctag gggatgagg gcttctctgg tcctgttccc taccctattt gtggtcacag1740  
 40 ccatgaagtc accgggatga acctatcctt ccagtggctc gtcctctgta gctctgcctc1800  
 cctctccata tctccttccc ctacccctcc ctccccacac ctccctactc ccctgggcac1860  
 cttctggctt gactggatgg aaggagactt aggaacctac cagttggcca tgatgtcttt1920  
 tcttcttttt ctttttttta acaaaacaga acaaaaccaa aaaatgtcca gaaaaaaaaa1980  
 aaaaaaaaaa gaggagggtg gggaagag 2008

45

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 50 (A) LÄNGE: 2156 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:80:

```

15  ggggccccgg gcttccccgt cggctccccg ctgagctcgc ccgtgttccc gcgggcgggt 60
    ttcggtccta agggctcctc cagctcgggt acgtccccgc tgtaccaggt gtgcgcacg 120
    tcgggcgggg ccgggggcct ggggtcgtg cgggccagcc ggctggggac caccgcacg 180
    ccctcctcct acggcgcagg cgagctgtg gacttctcac tggccgacgc ggtgaaccag 240
    gagtttctga ccacgcgcac caacgagaag gtggagctgc aggagctcaa tgaccgcttc 300
20  gccaaactaca tcgagaaggt gcgcttcctg gagcagcaga acgcggcgct cgccgccgaa 360
    gtgaaccggc tcaaggggcg cgagccgacg cgagtggccg agctctacga ggaggagctg 420
    cgggagctgc ggcgccaggt ggagggtgctc actaaccagc gcgcgcgcgt cgacgtcgag 480
    cgcgacaacc tgctcgacga cctgcagcgg ctcaaggcca agctgcagga ggagattcag 540
    ttgaaggaaag aagcagagaa caatttggct gccttccgag cggacgtgga tgcagctact 600
25  ctgactcgca ttgacctgga gcgcagaatt gaatctctca acgaggagat cgcgttcctt 660
    aagaaagtgc atgaagagga gatccgtgag ttgcaggctc agcttcagga acagcaggtc 720
    cagggtggaga tggacatgtc taagccagac ctactgccc ccctcaggga catccgggct 780
    cagtatgaga ccatcgcggc taagaacatt tctgaagctg aggagtggta caagtcgaag 840
    gtgtcagacc tgaccagggc agccaacaag aacaacgacg ccctgcgcca ggccaagcag 900
30  gagatgatgg aataccgaca ccagatccag tcctacacct gcgagattga cgccctgaag 960
    ggcactaacg attccctgat gaggcagatg cgggaattgg aggaccgatt tgccagtga 1020
    ggcagtggct accaggacaa cattgcgcgc ctggaggagg aaatccggca cctcaaggat 1080
    gagatggccc gccatctgcg cgagtaccag gacctgctca acgtgaagat ggccctggat 1140
    gtggagattg ccacctaccg gaagctgtg gagggagagg agagccggat caatctcccc 1200
35  atccagacct actctgccct caacttccga gaaaccagcc ctgagcaaa gggttctgag 1260
    gtccatacca agaagacggt gatgatcaag accatcgaga cacgggatgg ggaggtcgtc 1320
    agtgaggcca cacagcagca gcatgaagt ctctaaagac agagaccctc tgccaccaga 1380
    gaccgtctc acccctgtcc tcaactgtcc ctgaagccag cttcttcca tcccaggaca 1440
    ccacacccag cctcagtcct cccctcacag cgtctgacct ctctcactg gccatccctc 1500
40  gtgggtcccc acagcgacat agcccatccc tgcttgggtc caggggcatgc cccggccacc 1560
    tctgcggaac ccagctgtga gccttggctg ttggcagtga gtgagcctgg ctcttgtgct 1620
    ggatggagcc caggcgggag cgggtggcct gtccctccca cctctgtgac ctccaggact 1680
    agcctttggc tctggagaca gccccagagc aggggtgttg gatactgcag ggccaggact 1740
    gagccccgca gacctcccca gccctagacc caggagagag aaagccaggc aggtagccag 1800
45  ggggactagc ccctgtggag actggggggc ttgaaattgt ccccggtgct tcttactttc 1860
    ctttccccag cccaggggtg acttagaaa caggggctac aagagggaat ccccgaaggt 1920
    gctggaggtg ggagcaggag attgagaagg agagaaagt ggtgagatgc tggagaagag 1980
    aggagaggag agaggcagag agcgggtctc ggctgggtgg aggggcgccc acctccccac 2040
    gccctccctt cccctgctgc aggggctctg gagagaaaata ataaagagat tcacacacaa 2100
50  gccaaaagaa aagaaaaaaa aaaaaaaaag aaaggaaaaga agggaagaaa aggtgc 2156

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 906 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:81:

```

20  gtgcaggccg cggtaggggtg gggcgggcga ggcgggaagg gataaaaccg cagtcgcccg 60
    cctcgcgggg ctcacggcct cgcctcggtg tcgcagcggg tcctctctat ctagctccag120
    cctctcgccg gcgcccact ccccgcgctc cgcgtcctag ccgacctgag ccggggccct180
    gcgcgccccg ctgctcctgc tggccatcct ggcggtggcc ctggccgtga gccccgcggc240
    cggctccagt cccggcaagc cgcgcgcct ggtgggaggg cccatggacg ccagcgtgga300
25  ggaagagggt gtgcggcgtg cactggactt tgccgtcggc gagtacaaca aagccagcaa360
    cgacatgtac cacagccgcg cgtgcagggt ggtgcgcgcc cgcaagcaga tcgtagctgg420
    ggtgaactac ttcttgagcg tggagctggg ccgaaccacg tgtaccaaga cccagcccaa480
    cttggacaac tgccccttcc atgaccagcc acatctgaaa aggaaagcat tctgctcttt540
    ccagatctac gctgtgcctt ggcagggcac aatgaccttg tcgaaatcca cctgtcagga600
30  cgcctagggg tctgtaccgg gctggcctgt gcctatcacc tcttatgcac acctcccacc660
    ccctgtattc ccacccttg actggtggcc cctgccttgg ggaagggtct cccatgtgcc720
    tgcaccagga gacagacaga gaaggcagca ggcggccttt gttgctcagc aaggggctct780
    gccctccctc cttccttctt gcttctcata gcccggtgt gcggtgcata cccccccacc840
    tcctgcaata aaatagtagc atcggcacaaa aaaaaaaga ggaagagggg aaggaaggga900
35  gatgcc                                     906
  
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:82:

10 cgcggtcgcc aaaaagaaa acaacgggaa gaaggagttt ggagccgact gcaagtacaa 60  
 gtttgagaac tggggtgctg gtgatggggg cacaggcacc aaagtccgcc aaggcaccct 120  
 gaagaaggcg cgctacaatg ctcaagtcca ggagaccatc cgcgtcacca agccctgcac 180  
 cccaagacc aaagcaaagg ccaaagccaa gaaagggaag ggaaaggact agacgccaag 240  
 cctggatgcc aaggagcccc tgggtgcaca tggggcctgg ccacgcct ccctctcca 300  
 15 ggcccagat gtgaccacc agtgcttct gtctgctcgt tagctttaat caatcatgcc 360  
 ctgccttgct cctctcactc ccagcccca cccctaagt cccaaagtgg ggagggacaa 420  
 gggattctgg gaagcttgag cctccccc aaagcaatgtga gtcccagagc ccgcttttgt 480  
 tcttcccac aattccatta ctaagaaaca catcaaataa actgactttt tcccccaaa 540  
 aaaagctctt cttttttaat ataaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaa 595

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1566 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:83:

45

50 gcgttccgct ctgaggcgcg cccgccccgg ggtaagctcg cgccgccgcg tcaactcagcg 60  
 ctgggtctct cggtcccga gccgtgagga ggacggctcg catactcgct gcccgccggc 120  
 tccctcccc gcgtccctgc gaccgccgcg gcgaagatgg cctcaggagt gcaagtagct 180  
 gatgaagtat gtcgcatttt ttatgacatg aaagtctgta aatgctccac accagaagaa 240  
 atcaagaaaa gaaagaaggc tgtcattttt tgtctcagt cagacaaaaa gtgcatcatt 300  
 gtagaagaag gcaaagagat cttggttgga gatgttggt taaccataac tgatcctttc 360  
 aagcattttt tgggaatgct tctgaaaaa gattgtcgct atgctttgta tgatgcaagc 420  
 tttgaaacaa aagaatccag aaaagaagag ttgatgtttt ttttgtgggc accagaacta 480  
 gcacctctga aaagtaaaat gatctatgca agctccaagg atgcaattaa aaagaaattt 540  
 55 caaggcataa aacatgaatg tcaagcaaat ggaccagaag atctcaatcg ggcttgatt 600

```

gctgaaaagt taggtggatc ctttaattgta gcctttgaag gatgccctgt gtagattatt 660
cagtgccaca aattgaaagc ttccatgttt aatgttatcc tcttgctata taaataaagc 720
aaatatatatt aggccagggt ctactgagg gggagctgtc ttgtcatctt ttagagtaaa 780
ctattctata aacatatgca aacagcccta aataaatcta aagtctaaaag ttttattgat 840
5  gtgaaattaa attcttattg gccaaatgcc tgttttgatg agttgattta taaagatttt 900
   tgttaagctc aggattttta attacacagt tcacaaacag taaaggccat gtgaagagaa 960
   ttattacatc tttattaacc tcagcattta ctttgtttct ttgcttagg aaattgctca1020
   taatctgggtt ataattttgg tccaaattct ttattcttcc ttgagctaag cagaataatg1080
   gaataataata tgtcttcata atataacaac actaatcac taatagtaag attagttag1140
10  gcagtcttct accaaatgtg taatggagat tgcctcaaaa ttgtgtccac ataatccacg1200
   ctcactctgc aaagcgctat ttcaggcaca tcattggaat acaggaagta gccctgcacc1260
   tgccagtga gtcgccatc actgattgga agagtgcact ggcatcttg aaatcattgt1320
   gtgtcttcag gagaatgtgc agtgtcttgt aacaactaat tataatgcaa attagggtca1380
   cattgtaatc tgctttgtta atgaaaatga taaaacagaa tattgacaag ctaggacacc1440
15  tgtggtatct ttaattgtat ctcttcaga agtttgcttc ttatggtata ataaagtatg1500
   gaagaataaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa aaggggaagg aggggagagt gttggagaga1560
   ggagggg                                     1566

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1047 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:84:

```

45  actgcgagac ggcgcgccgc tctcggcgtc gctctggact ggcgcaggcg caagccggca 60
   agatggcggc ggctggggct ggccgtctga ggcgggtggc atcggtctg ctgctgcgga 120
   cccccgcctg cccgcccggg agctgtcggc cccggcccga ctctatcaca agaaggttgt 180
   tgatcattat gaaaatccta gaaacgtggg gtcccttgac aagacatcta aaaaattgttg 240
   aactggactg gtgggggctc cagcatgtgg tgacgtaatg aaattacaga ttcaagtga 300
50  tgaaaagggg aagattgtgg atgctaggtt taaaacattt ggctgtggtt ccgcaattgc 360
   ctccagctca ttagccactg aatgggtgaa aggaaaagacg gtggaggaag ccttgactat 420
   caaaaacaca gatatcgcca aggagctctg ccttcctccc gtgaaactgc actgctccat 480
   gctggctgaa gatgcaatca aggccgccct ggctgattac aaattgaaac aagaacccaa 540
   aaaaggagag gcagagaaga aatgagccct ccctcggcga aacctccagc aggccacacc 600
55  agctgtttcc cacctgctgt gcagtcacct tagatgttca gaagccgctt cctctccact 660
   gaagagctat gagatacgca caatacttgc tgttcacgtt atgactctca tgcaagcaaa 720
   atacacagtt tcattgttct gaatcctgtg gtttctttca gccactttt atcgccctaa 780

```

```

cctagttaat gtatatcttg aattgtgtgt atgacctcag aactgaaatt gataatgaag 840
ttgcaagttt tgatagcccg tgaagtgcac aagtatctaa ttttacctga attgatttgg 900
ggggaaatta ccagtagaat gccttggtct gaatatctga tagaaccaat tgttgtagat 960
aaaacagatc tgcgcatata tatatatgta taaaaataaa .taaaataatg gaagatgaaa1020
5 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1047

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 519 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:85:

```

ggccagccct ggggcgcctt aaaaaccgga gctggcgctt ggcatcgcca ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccgccgaag ccatggcaag120
35 caagggccttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcaggtcagc aagtgggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca cccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggattcggg aaaaaattcg gcctcctgaa atgacagcag ggagacttgg360
gtcggcctcc tgaaatgata gcaggagac ttgggtgacc ccccttcag gcgccatcta420
40 gcacagcctg gccctgatct ccgggcagcc accacctcct cggctctgcc cctcattaaa480
attcacgttc ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttttg 519

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

### 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2170 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:86:

```

15 ggacaaacac ggacagtatc tcatcgggca tggactaag gtctacatcg accccttcac 60
   ttatgaagac cctaattgagg ctgtgaggga atttgcaaaa gagatcgatg tctcctacgt 120
   caagattgaa gaggtgattg gtgcagggtga gtttggcgag gtgtgccggg ggcggctcaa 180
   ggccccaggg aagaaggaga gctgtgtggc aatcaagacc ctgaagggtg gctacacgga 240
   gcggcagcgg cgtgagtttc tgagcgaggc ctccatcatg ggccagtctg agcaccctaa 300
20 tatcatccgc ctggaggggc tggtcaccaa cagcatgccc gtcattgatt tcacagagtt 360
   catggagaac ggccgcccctg actccttcct gcggctaaac gacggacagt tcacagtcatt 420
   ccagctcgtg ggcatgctgc ggggcatcgc ctggggcatg cggtagcttg ccgagatgag 480
   ctacgtccac cgagacctgg ctgctcgcaa catcctagtc aacagcaacc tcgtctgcaa 540
   agtgtctgac tttggccttt cccgattcct ggaggagaac tcttccgac ccacctacac 600
25 gagctccctg ggaggaaaga ttcccatccg atggactgcc ccggaggcca ttgccttccg 660
   gaagtccact tccgccagtg atgcctggag ttacgggatt gtgatgtggg aggtgatgtc 720
   atttggggag agccgtact gggacatgag caatcaggac gtgatcaatg ccattgaaca 780
   ggactaccgg ctgccccccg cccagactg tcccacctcc ctccaccagc tcattgctgga 840
   ctgttggcag aaagaccgga atgcccggcc ccgcttcccc cagggtggtc ggcctctgga 900
30 caagatgatc cggaaccccc ccagcctcaa aatcgtggcc cgggagaatg gcggggcctc 960
   acaccctctc ctggaccagc ggcagcctca ctactcagct tttggctctg tgggagagtg 1020
   gcttcgggcc atcaaaaatgg gaagatacga agaaagtctc gcagccgctg gctttggctc 1080
   cttcgagctg gtcagccaga tctctgtgta ggacctgtc cgaatcggag tcaactctggc 1140
   gggacaccag aagaaaatct tggccagtgt ccagcacatg aagtcaccag ccaagccggg 1200
35 aaccccggtt gggacaggag gaccggcccc gcagtactga cctgcaggaa ctccccaccc 1260
   cagggacacc gcctcccat tttccggggc agagtgggga ctccagagg cccccagccc 1320
   tgtgccccgc tggattgcac tttgagcccc tggggtgagg agttggcaat ttggagagac 1380
   aggatattgg ggttcctgcca taataggagg ggaaaatcac cccccagcca cctcggggaal 1440
   ctccagacca aggttgaggg cgcctttccc tcaggactgg gtgtgaccag aggaaaaggaa 1500
40 agtgcccaac atctccagc ctccccaggt gccccctca ccttgatggg tgcgttccc 1560
   cagaccaaaag agagtgtgac tcccttgcca gctccagagt gggggggctg tcccaggggg 1620
   caagaagggg tgcaggggc cagtgaacaa atcattgggg tttgtagtcc caacttgctg 1680
   ctgtcaccac caaactcaat cattttttt ccttgtaaat gcccctcccc cagctgctgc 1740
   cttcatattg aaggtttttg agttttgtt ttggtcttaa ttttctccc cgttcccttt 1800
45 tttgttcttc gtttctgtt tctaccgtcc ttgtcataac tttgtgttg agggaacctg 1860
   tttcactatg gcctcctttg cccaagttag aacagggggc catcatcatg tctgtttcca 1920
   gaacagtgcc ttggtcatcc cacatccccg gacccgcct gggaccccca agctgtgtcc 1980
   tatgaagggg tgtggggtga ggtagtgaag agggcggtag ttggtggtg aaccagaaaa 2040
   cggacgccgg tgcctggagg gttctttaa ttatatttaa aaaagtaact tttgtataaa 2100
50 ataaaaagaa atgggacgtg tacaagctcc agggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaactcg 2160
   agactagtcc

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2264 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure



(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:87:

```
20      gccccagcca ccagctactg tgtggagtgc tgggagcctc tgtgtgagac ctgtgtagag 60
      gcgggccaaag cccgccc aaa aagggggccgg ggtgaagtac accaaggacc atactgtgcg 120
      ctctactggg ccagccaagt ctcgggatgg tgaacgtact gtctattgca acgtacacaa 180
      gcatgaaccc cttgtgctgt tttgtgagag ctgtgatact ctcacctgcc gagactgcca 240
25      gctcaatgcc cacaaggacc accagtacca gttcttagag gatgcagtga ggaaccagcg 300
      caagtcctgg cctcactggg gaagcgcctt ggggacaaac atgcaacatt gcagaagagc 360
      accaaggagg ttcgcagctc aatccgccag gtgtctgacg tacagaagcg tgtgcaagtg 420
      gatgtcaaga tggccatcct gcagatcatg aaggagctga ataagcgggg ccgtgtgctg 480
      gtcaatgatg cccagaaggt gactgagggg cagcaggagc gcctggagcg gcagcactgg 540
30      accatgacca agatccagaa gcaccaggag cacattctgc gctttgcctc ttgggctctg 600
      gagagtgaaca acaacacagc ccttttgctt tctaagaagt tgatctactt ccagctgcac 660
      cgggccctca agatgattgt ggatcccgtg gagccacatg gcgagatgaa gtttcagtgg 720
      gacctcaatg cctggaccaa gagtgcagag gcctttggca agattgtggc agagcgtcct 780
      ggactaact caacaggccc tgcacccatg gcccctccaa gagccccagg gcccctgagc 840
35      aagcagggct ctggcagcag ccagcccatg gaggtgcagg aaggctatgg ctttgggtca 900
      ggagatgatc cctactcaag tgcagagccc catgtgtcag gtgtgaaacg gtcccgtca 960
      ggtgagggcg aggtgagcgg cttatgctc aaggtgccac gagtgaacct tgaacgcctg1020
      gacctggacc tcacagctga cagccagcca cccgtcttca aggtcttccc aggcagtacc1080
      actgaggact acaaccttat tgttattgaa cgtggcgctg ccgctgcagc taccggccag1140
40      ccaggggact cgctgcagg aacccctggg gcccaccccc ttgctggcat ggccattgtc1200
      aaggaggagg agacggaggc tgccattgga gcccctccta ctgccactga gggccctgag1260
      accaaacctg tgcttatggc tcttgccggg ggtcctgggt ctgaggggtcc ccgctggcc1320
      tcacctagtg gcagcaccag ctcagggctg gaggtgggtg ctctgaggg tacctcagcc1380
      ccaggtggtg gcccgggaac cctggatgac agtgccacca tttgccgtgt ctgccagaag1440
45      ccaggcgatc tggttatgtg caaccagtgt gaggtttgtt tccacctgga ctgtcacctg1500
      ccggccctgc aggatgtacc aggggaggag tggagctgct cactctgcca tgtgctccct1560
      gacctgaagg aggaggatgg cagcctcagc ctggatgggt cagacagcac tggcgtggtg1620
      gccaaagctc caccagccaa ccagcggaaa tgtgagcgtg tactgctggc cctattctgt1680
      cacgaacctt gccgccccct gcacagctg gctaccgact ccaccttctc cctggaccag1740
50      cccggtggca ccctggatct gacctgatc cgtgcccgcc tccaggagaa gttgtcacct1800
      ccctacaagt cccacagga gtttcccag gatgtggggc gcatgttcaa gcaattcaac1860
      aagttaactg aggacaaggc agacgtgcag tccatcatcg gcctgcagcg cttcttcgag1920
      acgcgcatga acgaggcctt cggtagacac aagttctctg ctgtgctggt ggagcccccg1980
      ccgatgagcc tgcctgggtg ttggcctgagt tccaggagc tgtctgggtg ccctgggtgat2040
55      ggcccctgag gctggagccc ccattggccag cccagcctgg ctctgttctc tgcctgtca2100
      ccccatcccc actcccctgg tggcctgact cccactccct ggtggcccca tccccagtt2160
      cctcacgata tggtttttac ttctgtggat ttaataaaaaa cttcaccagt taaaaaaaaa2220
      aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2264
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1270 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:89:

tttttttctc gacaagatgg ccacaccggc ggtaccagta agtgctcctc cggccacgcc 60  
 aaccccagtc ccggcggcgg cccagcctc agttccagcg ccaacgccag caccggctgc 120  
 30 ggetccgggt cccgctgcgg ctccagcctc atcctcagac cctgcggcag cagcggctgc 180  
 aactgccggt cctggccaga ccccggcctc agcgcaagtc cagcgagac cccagcgccc 240  
 gctctgcctg gtccgtctct tccaggggcc tccccggcg gccgctggt caggctgcac 300  
 ccagtcattt tggcctccat tgtggacagc tacgagagac gcaacgaggg tgctgcccga 360  
 gttatcgggg ccctgttggg aactgtcgac aaacactcag tggaggtcac caattgcttt 420  
 35 tcagtgcgcg acaatgagtc agaagatgaa gtggctgttg acatggaatt tgctaagaat 480  
 atgtatgaac tgcataaaaa agtttctcca aatgagctca tcctgggctg gtacgctacg 540  
 ggccatgaca tcacagagca ctctgtgctg atccatgagt actacagccg agaggccccc 600  
 aaccccatcc acctcactgt ggacacaagt ctccagaacg gccgcatgag catcaaagcc 660  
 tacgtcagca ctttaatggg agtcctggg aggaccatgg gagtgatgtt cagcctctg 720  
 40 acagtgaat acgcgtacta cgacactgaa cgcacggag ttgacctgat catgaagacc 780  
 tgcttttagcc ccaacagagt gattggactc tcaagtgact tgcagcaagt aggaggggca 840  
 tcagctcgca tccaggatgc cctgagtaca gtgttgcaat atgcagagga tgtactgtct 900  
 ggaaagggtg cagctgacaa tactgtgggc cgcttcctga tgagcctggt taaccaagta 960  
 ccgaaaatag ttcccgatga ctttgagacc atgctcaaca gcaacatcaa tgaccttttg1020  
 45 atggtgacct acctggccaa cctcacacag tcacagattg cactcaatga aaaacttgtal080  
 aacctgtgaa tggaccccaa gcagtacact tgctggtcta ggtattaacc ccaggactcal140  
 gaagtgaagg agaaatgggt tttttgtggt cttgagtcac actgagatag tcagttgtgt1200  
 gtgactctaa taaacggagc ctaccttttg taaatttaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260  
 aaaagaacgg 1270

50

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:90:

```

gccacgggtc ataatgatcg tgacagatgg gagacctcag gactccgtgg ccgagggtggc 60
tgctaaggca cgggacacgg gcatcctaatt ctttgccatt ggtgtggggc aggtagactt 120
caacaccttg aagtccattg ggagtgagcc ccatgaggac catgtcttcc ttgtggccaa 180
25 tttcagccag attgagacgc tgacctccgt gttccagaag aagttgtgca cggcccacat 240
gtgcagcacc ctggagcata actgtgccca cttctgcatc aacatccctg gctcatacgt 300
ctgcagggtg aaacaaggct acattctcaa ctccggatcag acgacttgca gaatccagga 360
tctgtgtgccc atggaggacc acaactgtga gcagctctgt gtgaatgtgc cgggctcctt 420
cgtctgccag tgctacagtg gctacgccct ggctgaggat ggggaagggt gtgtggctgt 480
30 ggactactgt gcctcagaaa accacggatg tgaacatgag tgtgtaaatg ctgatggctc 540
ctacctttgc cagtgccatg aaggatttgc tcttaaccca gataaaaaaa cgtgcacaaa 600
gatagactac tgtgcctcat ctaatcacgg atgtcagcac gagtgtgtta acacagatga 660
ttcctattcc tgccactgcc tgaagagggt taccctgaat ccagataaga aaacctgcag 720
aaggatcaac tactgtgcac tgaacaaacc gggctgtgag catgagtgcg tcaacatgga 780
35 ggagagctac tactgccgct gccaccgtgg ctacactctg gaccccaatg gcaaaacctg 840
cagccgagtg gaccactgtg cacagcagga ccatggctgt gagcagctgt gtctgaacac 900
ggaggattcc ttcgtctgcc agtgctcaga aggtctctc atcaacgagg acctcaagac 960
ctgctcccgg gtggattact gcctgctgag tgaccatggt tgtgaatact cctgtgtcaal1020
catggacaga tcccttgccct gtcagtgtcc tgagggacac gtgctccgca gcgatgggaal1080
40 gacgtgtgca aaattggact cttgtgtctc gggggaccac ggttgtgaac attcgtgtgtl1140
aagcagtgaa gattcgtttg tgtgccagtg ctttgaaggt tatatactcc gtgaagatgg1200
aaaaacctgc agaagaaaag atgtctgcca agctatagac catggctgtg aacacattt1260
tgtgaacagt gacgactcat acacgtgcga gtgcttggag ggattccggc tcgctgaggal1320
tgggaaacgc tgccgaagga aggatgtctg caaatcaacc caccatggct gcgaacacat1380
45 ttgtgttaat aatgggaatt cctacatctg caaatgctca gagggatttg ttctagctgal1440
ggacggaaga cggtgcaaga aatgcaactg aggcccaatt gacctggtct ttgtgatcgal1500
tgatccaag agtcttgagg aagagaattt tgaggtcgtg aagcagtttgc taccctggaat1560
tatagattcc ttgacaattt ccccccgaagc cgctcgagtg gggctgctcc agtattccac1620
acaggctccac acagagttca ctctgagaaa cttcaactca gccaaagaca tgaaaaaagc1680
50 cgtggcccac atgaaataca tgggaaaggg ctctatgact gggctggccc tgaaacacat1740
gtttgagaga agttttaccc aaggagaagg ggccaggccc ctttcacaa ggggtgccag1800
agcagccatt gtgttcaccg acggacgggc tcaggatgac gtctccgagt gggccagtaal1860
agccaaggcc aatggtatca ctatgtatgc tgttggggta ggaaaagcca ttgaggaggal1920
actacaagag attgcctctg agcccacaaa caagcatctc ttctatgccg aagacttcag1980
55 cacaatggat gagataagtg aaaaactcaa gaaaggcatc tgtgaagctc tagaagactc2040
cgatggaaga caggactctc cagcagggga actgccaaaa acggctcaac agccaacagt2100
gcaacacaga tatctgtttg aagaagacaa tcttttacgg tctacacaaa agctttccca2160
ttcaacaaaa ccttcaggaa gcccttttga agaaaaacac gatcaatgca aatgtgaaaa2220

```

```

ccttataatg ttccagaacc ttgcaaacga agaagtaaga aaattaacac agcgcttaga2280
agaaatgaca cagagaatgg aagccctgga aaatcgctg agatacagat gaagattaga2340
aatcgcgaca catttgtagt cattgtatca cggattacaa tgaacgcagt gcagagcccc2400
aaagctcagg ctattgttaa atcaataatg ttgtgaagta aaacaatcag tactgagaaa2460
5 cctggtttgc cacagaacaa agacaagaag tataactaa cttgtataaa tttatctagg2520
aaaaaaatcc ttcagaattc taagatgaat ttaccagggtg agaatgaata agctatgcaa2580
ggatttttgc aatatactgt ggacacaact tgcttctgcc tcatcctgcc ttagtggtga2640
atctcatttg actatacgat aaagtttgca cagtcttact tctgtagaac actggccata2700
ggaaatgctg tttttttgta ctggacttta ccttgatata tgtatatgga tgtatgcata2760
10 aaatcatagg acatatgtac ttgtggaaca agttggattt tttatacaat attaaaattc2820
accacttcag agaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2863

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:92:

```

ggccgatcgg ttagacctgg aggagctgag caaagatgag gccagtgaga tggagaaggc 60
40 tgtggagtcg gtggttcggg agagcctgag caggcaacgc agcccagcgc ctggcagccc 120
agatgaggaa ggtggagcgg aggccccggc tgctggcatt cgcttcaggc cttggggccac 180
ccgggagctg tacatccctt caggcgagag cgaggttgct ggtggggcct ctcacagctc 240
gggacagcgc actccccagg gccagtgct ggccactgtg gaggtcagca gcccacagg 300
ctttgcccag tcacagggtg tggaggatgt gagccaggct gcaaggcaca taaaactcgg 360
45 cccctctgaa gtctggagga ctgagcgaat gtcatatgaa ggaccactg cagaagtgg 420
ggagatggat gtgagtaacg tagagcgcat ccgcagccgg acacaggaag cgggagctct 480
cgggtgtgct gaccgtggtt cctggagaga cgcgacagt aggaatgacc aggcagttgg 540
tgtgagcttt aaggcctctg ctggggaagg agaccaggcc cacagagaac agggcaagg 600
gcaggccatg tttgataaga aggtgcagct ccagagaatg gtagaccaa ggtcgggtgat 660
50 ttcagatgaa aagaaaagtg ccctcctcta tctagacaat gaggaggagg agaatgatg 720
gcattgggtt taataagcag aaacattttg ttttaatggc agcctgttg cgacgtgcca 780
acatccaaag gccttaactt attttaagag gccgagggag tctatgaaaa tctccccttt 840
tttacttttt taaagagtac tcccggcatg gtcaatttcc tttatagtta atccgtaaa 900
gtttccagtt aattcatgcc ttaaaaggca ctgcaatttt atttttgagt tgggactttt 960
55 acaaaacact tttttccctg gagtcttctc tccacttctg gagatgaatt tctatgtttt 1020
gcacctgggc acagacatgg cttgcacatg tttgaaacta caattaatta tagatgtcaa 1080
aacattaacc agattaaaat aatatattta agagtaaatt ttgcttgcac gtgctaatat 1140

```

```

gaaataacag actaacat ttaggggaaaa ataaatacaa tttagactct aaaaagtctt1200
ttcaaaaaga aatgggaaat aggcagactg tttatgttaa aaaaattctt gctaaatgat1260
ttcatcttta ggaaaaaatt acttgccata tagagctaaa ttcattctta gacttgaatg1320
aattgctttc tatgtacaga actttaaaca atatagtatt tatggcgagg acagctgtag1380
5 tctgttgtga ttttcacat tctatttgca caggttccct ggcaactgga gggtagatga1440
ttattgggaa tcgcttacag taccatttca ttttttgga ctaggtcatt aagtagcaca1500
cagtcrgaat gcccttttct ggagtggcca gttcctatca gactgtgcag acttgcgctt1560
ctctgcacct tatcccttag cacccaaaca tttaat tca ctggtgggag gtagacctgt1620
aagacaatga agagaatgcc gatactcaga ctgcagctgg accggcaagc tggctgtgtal1680
10 caggaaaaat ggaagcacac agtggactgt gcctcttaaa gatgcctttc ccaaccctcc1740
attcatggga tgcaggtctt tctgagctca aggtgaaag atgaatacaa taacaacat1800
gaacccacct cacggaagct tttttgcaac agtcattgca gttggggtgt1860
tttgctccagg gaaacagttt attaaataga aggatgtttt ggggaaggaa ctggatatct1920
ctctgcagc cccgcaccca gatacccagg acgggctgg ggggcgagaa agggcccat1980
15 gctcatgggc cgcggagtgt ggacctgtag ataggacca ccgagtttaa gatactggga2040
tgagcatgct tcattggatt cattttattt tacacgtcag tattgtttta aagtttctgt2100
ctgtaaagtg tagcatcata tataaaaaga gtttcgctag cagcgcat tttttagtct2160
aggctagctt ctttcacata atgctgtctc agctgtattt ccagtaacac agcatcatcg2220
cactgactgt ggcgcactgg ggaataacag tctgagctag caccaccctc agccaggcta2280
20 caacgacagc actggagggg cttccctctc agattcacct ggaggccctc agaccccatg2340
gggtgcagtc tcccaggtc ctgggagtgg ctaccgcagt agtttctgga gagcacgttt2400
tcttcattga taagtggagg agaatgcag cacagctttc aagatactat tttaaaaaca2460
ccatgaatca gatagggaaa gaaagtgtat tggaaatgga agtttaaac tttgttgtcc2520
atctgccaaa tgaactagt attgtcagac tggatggag gtgactgctt tgtaagggtt2580
25 tgtcgtttct aatacagaca gagatgtgct gattttgttt tagctgtaac aggtaatggt2640
ttttggatag atgattgact ggtgagaatt tggcaaggt gacagcctcc tgtctgatga2700
caggacagac tgggtgtgag gagtctaagt gggctcagtt tgatgtcagt gtctgggctc2760
atgacttgta aatggaagct gatgtgaaca ggtaattaat attatgacct acttctattt2820
actttgggaa atatcttggg tcttaattat catctgcaag tttcaagaag tattctgcca2880
30 aaagtattta caagtatgga ctcattgagct attgttggtt gctaaatgtg aatcacgcgg2940
gagtgtgtgt gcccttcaca ctgtgacatt gtgacattgt gacaagctcc atgtccttta3000
aatcagtc ctctgcacac aagagaaatc aacttcgtgg ttggatgggg ccggaacaca3060
accagctctt ttgtatttat tgttactgag acaaaacagt actcactgag tgtttttcag3120
tttctactg gtggttttga tattgtttgt ttaagatgta tatttagaat gacatcatct3180
35 aagaagctga ttttgctaaa ctctgttcc ctacaatggg aaatgtcaca agaatgtgca3240
aaaataaaaa tctgaggaaa aaaccctaaa aattcctaaa gagaatg 3287

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2786 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:94:

```

5      aggccctggg cgggtgtggaa ggcattctgg gacacacact ctttaagggc actgacttcc 60
      ctacctggga ggggcttttc taggagaagg ccagtggtt  tgaggaatct atgaagtga 120
      agaagctaac taatgctcag cgatcaggac tgaaccagat tcccaatcgt agattcacc 180
      tctggtggtc cccgaccatt aatcgagcca atgtatatgt aggctttcag gtgcagctag 240
10     acctgacggg tatcttcatt caccgcaaga tccccacgct gaagatctct ctcacccaga 300
      tcttccgagc tcacttggtg cagaagatcc atgagagcat tgttatggac ttatgtcagg 360
      tgtttgacca ggaacttgat gcactggaaa ttgagacagt acaaaaggag acaatccatc 420
      cccgaaagtc atataagatg aactcttcct gtgcagatat cctgctcttt gcctcctata 480
      agtggaaatg tccccggccc tcattgctgg ctgactccaa ggatgtgatg gacagcacca 540
15     ccaccagaaa atactggatt gacatccagt tgcgctgggg ggactatgat tcccacgaca 600
      ttgagcgcta cggccggggc aagttcctgg actacaccac cgacaacatg agtatctacc 660
      cttcgcccac aggtgtactc atcgccattg acctggccta taacttgcat agtgcctatg 720
      gaaactgggt cccaggcagc aagcctctca tacaacaggc catggccaag atcatgaagg 780
      caaacctcgc cctgtatgtg ttacgtgaac ggatccgcaa ggggctacag ctctattcat 840
20     ctgaaccacac tgagccttat ttgtcttctc agaactatgg tgagctcttc tccaaccaga 900
      ttatctgggt tgtggatgac accaacgtct acagagtga tattcacaag accttgaag 960
      ggaacttgac aaccaagccc atcaacggag ccattctcat cttcaaccca cgcacagggc 1020
      agctgttcct caagataatc cacacgtccg tgtgggcggg acagaagcgt ttggggcagt 1080
      tggctaagtg gaagacagct gaggaggtgg ccgccctgat ccgatctctg cctgtggagg 1140
25     agcagcccaa gcagatcatt gtcaccagga agggcatgct ggaccactg gagtgactc 1200
      tactggactt cccaatatt gtcacaaag gatcggagct ccaactccct ttcaggcgt 1260
      gtctcaaggt gaaaaaattc ggggatctca tccttaaagc cactgagccc cagatggttc 1320
      tcttcaacct ctatgacgac tggctcaaga ctatttcac ttacacggcc ttctcccgct 1380
      tcactctgat tctgcgtgcc ctacatgtga acaacgatcg ggcaaaagt atcctgaagc 1440
30     cagacaagac tactattaca gaaccacacc acatctggcc cactctgact gacgaagaat 1500
      ggatcaaggt cgaggtgcag ctcaaggatc tgatcttggc tgactacggc aagaaaaaca 1560
      atgtgaacgt ggcatactg acacaatcag aaattcgaga catcatcctg ggtatggaga 1620
      tctcggcacc gtcacagcag cggcagcaga tcgctgagat cgagaagcag accaaggaa 1680
      aatcgagct gacggcaaca cagactcgca ctgtcaacaa gcatggcgat gagatcatc 1740
35     cctccaccac cagcaactat gagaccaga ctttctcatc caagactgag tggagggtc 1800
      gggccatctc tgctgccaac ctgcacctaa ggaccaatca catctatgtt tcactgacg 1860
      acatcaagga gactggctac acctacatcc ttcccaagaa tgtgcttaag aagttcatct 1920
      gcatatctga cttcggggcc caaattgcag gatacctata tggggtgagc ccaccagata 1980
      acccccaggt gaaggagatc cgctgcattg tgatggtgcc gcagtggggc actcaccaga 2040
40     ccgtgcacct gcctggccag ctgccccagc atgagtacct caaggagatg gaacccttag 2100
      gttggatcca cactcagccc aatgagtcct cgcagttatc accccaggat gtcaccaccc 2160
      atgccaagat catggctgac aacccatctt gggatggcga gaagaccatt atcatcacat 2220
      gcagcttcac gccaggctcc tgtacactga cggcctacaa gctgaccccc agtggctacg 2280
      aatggggccg ccagaacaca gacaagggca acaaccccaa gggctacctg ccttcacact 2340
45     atgagagggt gcagatgctg ctgtcggacc gtttctcttg cttcttcatt gtcctgccc 2400
      agtcctcgtg gaactacaac ttcatgggtg ttccggcatg ccccaacatg aaatatgagc 2460
      tacagctggc gaaccccaaa gatttctacc acgaggtgca caggccctct cacttctca 2520
      actttgctct cctgcaggag ggggaggttt actctgcgga tcgggaggac ctgtatgcct 2580
      gaccgtttcc ctgcctcctg cttcagcctc ccgaggccga agcctcagcc cctccagaca 2640
50     ggccgctgac attcagcagt ttggcctctt tccctctgtc tgtgcttgtg ttgttgacct 2700
      cctgatggct tgtcatcctg aataaaatat aataataaat tttgtataaa taggaaaaaa 2760
      aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2125 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

60

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:95:

```

20  gcatggtgtg aaaggccaag tgctgaggcg ggtatcatgg gtgctgtgcc ctagggcctg 60
    ggtggcaggg ggtgggtggc ctgtgggtgt gccggggggg ccagtgtgcc caccgccagtc 120
    tcttggcgtg ctggagggca tcctggatgg aattgaagtg aatggaacag aagccaagca 180
    aggtggagtg tgggtcagac ccagaggaga acagtgccag gtcaccagat ggaaagcgaa 240
    aaagaaagaa cggccaatgt tccctgaaaa ccagcatgtc agggatatc cctagttacc 300
25  tggacaaaga cagcagtggt gtcgtgtgtg gggacaaggc aactgggttat cactaccgct 360
    gtatcacttg tgagggtgtc aagggttctt ttcgcgcac aatccagaag aacctccatc 420
    ccacctattc ctgcaaatat gacagctgct gtgtcattga caagatcacc cgcaatcagt 480
    gccagctgtg ccgcttcaag aagtgcacg ccgtgggcat ggccatggac ttggttctag 540
    atgactcgaa gcgggtggcc aagcgttaact gattgagcag aaccgggagc ggcggcgga 600
30  ggaggagatg atccgatcac tgcagcagcg accagagccc actcctgaag agtgggatct 660
    gatccacatt gccacagagg cccatcgcag caccaatgcc cagggcagcc attggaaca 720
    gaggcggaat ttcctgcccg atgacattgg ccagtcaccc attgtctcca tgcgggacgg 780
    agacaaggtg gacctggaag ccttcagcga gtttaccagg atcatcacc cgccatcac 840
    ccgtgtgggt gactttgcc aaaaactgcc catgttctcc gagctgcctt gcgaagacca 900
35  gatcatcctc ctgaagggt gctgcatgga gatcatgtcc ctgcccggcg ctgtccgcta 960
    cgaccctgag agcgacaccc tgacgtgtag tggggagatg gctgtcaagc gggagcagct 1020
    caagaatggc ggccctggcg tagtctccga cgccatcttt gaactgggca agtcaactct 1080
    tgcccttaac ctggatgaca cggaagtggc tctgctgcag gctgtgctgc taatgtcaac 1140
    agaccgctcg ggccctgctg gtgtggacaa gatcgagaag agtcaggagg cgtacctgtc 1200
40  ggcggttcgag cactacgtca accaccgcaa acacaacatt ccgcacttct ggcccaagct 1260
    gctgatgaag gagagagaag tgcagagttc gattctgtac aagggggcag cggcagaagg 1320
    ccggccgggc gggtcactgg gcgtccaccc ggaaggacag cagcttctcg gaatgcatgt 1380
    tggtcagggt ccgcaggtcc ggcagcttga gcagcagctt ggtgaagcgg gaagtctcca 1440
    agggccgggt cttcagcacc agagcccgaa gagcccgag cagcgtctcc tggagctgct 1500
45  ccaccgaagc ggaattctcc atgcccagc ggtctgtggg gaagacgaca gcagtgaaggc 1560
    ggactccccg agctcctctg aggaggaacc ggaggtctgc gaggacctgg caggcaatgc 1620
    agcctctccc tgaagcccc cagaaggccg atggggaagg agaaggagtg ccataccttc 1680
    tcccaggcct ctgccccaa agcaggaggt gcctgaaagc tgggagcgtg ggctcagcag 1740
    ggctggtcac ctcccatccc gtaagaccac ctccctctcc tcagcaggcc aaacatggcc 1800
50  agactccctt gctttttgct gtgtagtctc ctctgcctgg gatgcccttc cccctttctc 1860
    tgcctggcaa catcttactt gtcctttgag gccccaactc aagtgtcacc tccttcccc 1920
    gtcctccagc gcagaaatag ttgtctgtgc ttccttggtt catgcttcta ctgtgacact 1980
    tatctcactg ttttataatt agtcgggcat gactctgttt cccaagctag actgtgtctg 2040
    aatcatgtct gtatccccag tgcccgtgtc agggcctggc atagagtagg tactccataa 2100
55  aagggtgtgt gaattgaaaa aaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1910 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:96:

```

25  acgccttccg cggaggagag caaaacggcg cgcaggccgg gcgcacccac gccacttcc 60
    gagagcgccct gccgcccctg cgccgcccag ccagctgccg gaatgccgaa ctggggagga 120
    ggcaagaaat gtggggtgtg tcagaagacg gtttactttg ccgaagaggt tcagtgcgaa 180
    ggcaacagct tccataaatc ctgcttcctg tgcatgggtct gcaagaagaa tctggacagt 240
    accactgtgg ccgtgcatgg tgaggagatt tactgcaagt cctgctacgg caagaagtat 300
30  gggcccaaaag gctatggcta cgggcagggc gcaggcacc tcagcactga caagggggag 360
    tcgctgggta tcaagcacga ggaagcccct ggccacagg ccaccacca cccaatgca 420
    tccaaatttg ccagaagat tgggtggctcc gagcgctgcc ccgatgcag ccaggcagtc 480
    tatgctgctg agaaggtgat tgggtgctgg aagtcctggc ataaggcctg ctttcgatgt 540
    gccaaagtgt gcaaaggcct tgagtcaacc accctggcag acaaggatgg cgagatttac 600
35  tgcaaaggat gttatgctaa aaacttcggg cccaagggtc ttggtttttg gcaaggagct 660
    ggggccttgg tccactctga gtgaggccac catcaccac cacaccctgc cactcctgc 720
    gcttttcatc gccattccat tcccagcagc tttggagacc tccaggatta tttctctgtc 780
    agccctgcc catatcacta atgacttgaa cttgggcac tggtccctt tggtttggg 840
    gtctgcctga ggtcccaccc cactaaagg ctcccaggc ctgggatctg acaccatcac 900
40  cagtaggaga cctcagtgtt ttgggtctag gtgagagcag gccctctcc ccacacctcg 960
    cccacagag ctctgttctt agcctcctgt gctgcgtgtc catcatcagc tgaccaagac1020
    acctgaggac acatcttggc acccagagga gcagcagcaa caggctggag ggagagggaa1080
    gcaagaccaa gatgaggagg ggggaaggct gggttttttg gatctcagag attctcctct1140
    gtgggaaaga ggttgagctt cctgggtgtc ctcagagtaa gcctgaggag tcccagctta1200
45  gggagtcaat attggaggca gagaggcatg caggcggggt cctaggagcc cctgcttctc1260
    caggcctctt gcctttgagt ctttgtgaa tggatagcct ccactagga ctgggaggag1320
    aataacccag gtcttaagga ccccaaagtc aggatgttgt ttgatcttct caaacatcta1380
    gttccctgct tgatgggagg atcctaataa aatacctgaa acatatattg gcatttatca1440
    atggctcaaa tcttcattta tctctggcct taacctggc tcctgaggct gcggccagca1500
50  gagcccaggc cagggtctct ttcttgccac acctgcttga tcctcagatg tggagggagg1560
    taggcaactgc ctcagtcttc atccaaacac ctttcccttt gccctgagac ctcaaatct1620
    tccctttaac ccaagaccct gcctcttcca ctccaccctt ctccagggac ccttagatca1680
    catcactcca ccctgccag gcccagggtt aggaatagtg gtgggaggaa ggggaaagg1740
    ctgggcctca cggctcccag caactgaaag gacaacacta tctggagcca cccactgaaa1800
55  gggctgcagg catgggctgt acccaagctg atttctcatc tggtaataa agctgtttag1860
    accagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg tagagaggca aaaaaggggg 1910

```



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1615 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:97:

ggcagggact ctgatttgggt ggtccgcgct gcccgctgcgc tggctctggc cggggctcggg 60  
 aaggagtagg tgatgggtgc agagggcagg gagctgcct ggtgacagg ctgtgccccg 120  
 taggagcagt gccaggtga aggatgcccc tggctcctcca gggcactgac ttgccccctt 180  
 30 tttcccgctt atagtcattg ctccagagtg cttgtaaatg tcttgggaag aggtttctgt 240  
 aaccctgccc ctggtgtgag gaggaatgg ctctggcctg gctgcctggc cgtggcttct 300  
 ctttggctcc caaagagaag gacagtgttg ggagtatctg ccgtggcttc tctttggctc 360  
 ccaaagagaa ggacagtgtt gggagtatct gccggcgctg tccaggtcct ttagtcagcg 420  
 tcaactccatc tgatgtgcag aagctgggct gcacctgcgg ggggtggcat agaccgggct 480  
 35 ggggtctgcag cagccccctg tcttgagcag gcggcagtga acagcactgg cccacctccc 540  
 actcacagcc cctctgtccc ctctgcagtg caccaggtg ggccccctg cgtgcctttg 600  
 ggtgctcccc tctcgtgggc gttctggccc gaggccctta gagtatggag gctgagccag 660  
 gccttgggtt tccccagcac agcctcctgt cgctgcatgc gacgtgttg gatttttga 720  
 tgaagactc tcccacgctc tgttgggtga cttagctgcc tcaactggaag tgatgtgggt 780  
 40 ggaaggtggt tgatgtttac cttttccacc tctcattggt ttccccagaa cattgtagat 840  
 gggggttggc agagggagaa ataagccagc cacggcagtc gcttgggttc ccaggtggaa 900  
 tgggctaaca caggagatga tgggaacctg tccgcagtc cctgcatgac cattggccct 960  
 gctggcctgg cgatgtgggc atcctggggt tcttagggtc ccagaacaag cccaggcaal1020  
 gctggaactt ggggtgggag gggacatgag gaggataaac agctgactgt ggcttcaagg1080  
 45 acatcagggc caccccaagt cctcagtgtc ctactcctgg caaggagtgt gggttggatc1140  
 aaaagtgtt aaaattaata tgtgtcagt gattagaaca aactgttta cataaaaaacc1200  
 atttttctaa ttctaacaag ttagaatgtg aggaaggaat gaacatgagt gtttaggaac1260  
 ctgccctttg gtgctgggct ggcgtcccgc actggggtgt cctcgctgtc tgggggctgc1320  
 tctgtgccc cgcccagggt cccctgtgtg tgttgccaga cgggcctcat ggtctgctgt1380  
 50 gcagagagag gcaggaagga tccctgaaga gtcttgaga aaagggtctg tgccctcagg1440  
 tggggcttac cccctcgtat ttataatctt attttatata gtgaccaccg tggaacaaa1500  
 cgccctttgt attgtcatgt acatagtcca tacctgagtg ctgtacataa gttgttctgt1560  
 gtataaataa aacaagcctg tttttgatct tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1615

55

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:98:

```

25 gaaaggcgga agtggaggcc ggagcctggg acaccgcccg cggggagaga agcggatccc 60
gtccgagccc cggccccaag taacgcccgc gccccggagc cgccttgag gtccccctcc 120
ccactaagtg cctctttgca tagcaccagt cccacccgc acgctctctg gaccactaca 180
gctggacggg caatggcggg tcggggaggc gcagacgacc caatggacca gctgctggga 240
acaagatctg tcaatttaag ctggttctgc tgggggagtc tgcggtaggc aaatccagcc 300
30 tcgtcctccg cttgtcaag ggacagtctc acgagtacca ggagagcaca attggagcgg 360
ccttcctcac acagactgtc tgcctggatg acacaacagt caagtttgag atctgggaca 420
cagctggaca ggagcggatc cacagcctgg ccccatgta ctatcggggg gccaggctg 480
ccatcgtggt ctatgacatc accaacacag atacatttgc acgggccaag aactgggtga 540
aggagctaca gaggcaggcc agccccaaca tcgtcattgc actcgcgggt aacaaggcag 600
35 acctggccag caagagagcc gtggaattcc aggaagcaca agcctatgca gacgacaaca 660
gtttgctggt catggagaca tcagcaaaga ctgcaatgaa cgtgaacgaa atcttcatgg 720
caatagctaa gaagcttccc aagaacgagc cccagaatgc aactggtgct ccaggccgaa 780
accgaggtgt ggacctccag gagaacaacc cagccagccg gagccagtgc tgcagcaact 840
gagccccctt tgcccgcccg ctgccccgc ctctccgccc tgaatgacct gactggaatc 900
40 cactctaacc aatcgcaact aacgactcgg gccaccactg ggggggcagg gggaggggtc 960
caccatgatt tctccatata attttgatca taggcgggag tgagtcattc cacctgcacc1020
tttctgtaca aatactaatt caattttaag tcttaagtca cttttttaat atatatgatc1080
ttctgctctt cccacttcct cccctttcta ctgctctccc attttccctt gctgggagta1140
gccacatgct cttgcccccc aacccttgta tatggggaca gtggggtcag tgcagctacc1200
45 ctttctttcc ctctgcgga acagcggacc cagcaagagc atccacatcc tcactttgtt1260
cggagtgggtc tttggtttg gcggtggggc agaccttggg aaggggctta ggaagggaga1320
ggcagctctt ctttcagctg gctctcatca ggctgcagcc cctccccgc tcccacctcc1380
ctgctgggaa accacagcat tatcacagca ttattgtgac agccacgaac ccattgccc1440
caacccctcc accctcggtc accccaacct ctggtcttga gccctgttct gaccaaatac1500
50 tgatgatgag tatttggggg tgggtgggta agggggggag tgggagggga cggaaccaac1560
ttttctgta ttttgtattg tatgttttct tcaacatgta accaatcagt atcttgtca1620
tatagtcagc cgatcgatcg acctcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1669

```

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:100:

25 gtcggcgcta gacgccggcg cgcacgccag ccggggggcg gggcggggcg gcggcactgc 60  
 ggtgaaagcc gaggcagcgg gcagacgagc agggggcggg cggacatctt gggatccgga 120  
 gagtggccgg gccggcagag cagggggccg aggacaccag gtctgttctc agagcgatgg 180  
 gccgcggaga ctgatctgcc gccatgattg gaggcttatt catctataat cacaaggggg 240  
 aggtgctcat ctcccgagtc taccgagatg acatcgggag gaacgcagtg gatgcctttc 300  
 gggctcaatgt tatccatgcc cggcagcagg tgcgcagccc gtccaacaac ttgctcgcac 360  
 30 cagcttcttc cacgttaagc ggtccaacat ttggctggca gcagtacca agcagaatgt 420  
 caacgctgcc atggctcttc aattcctcta taagatgtgt gacgtgatgg ctgcctactt 480  
 tggcaagatc agcgaggaaa acatcaagaa caattttgtg ctcatatatg agctgctgga 540  
 tgagattcta gactttggct acccacagaa ttccgagaca ggcgcgctga aaaccttcat 600  
 cagcgagcag ggcataaaga gtcagcatca gacaaaagaa gagcagtcac agatcaccag 660  
 35 ccaggtaaact gggcagattg gctggcggcg agaggggtatc aagtatcgtc ggaatgagct 720  
 ctctctggat gtgctggaga gtgtgaacct gctcatgtcc ccacaagggc aggtgctgag 780  
 tgcccatgtg tcggggccggg ttgtgatgaa gagctaccctg agtggcatgc ctgaatgcaa 840  
 gtttgggatg aatgacaaga ttgttattga aaagcagggc aaaggcacag ctgatgaaac 900  
 aagcaagagc gggaaagcaat caattgccat tgatgactgc accttccacc agtgtgtgcg 960  
 40 actcagcaag tttgactctg aacgcagcat cagctttatc ccgccagatg gagagtttga 1020  
 gcttatgagg tatcgacaaa ccaaggacat catccttccc ttccgggtga tcccgctagt 1080  
 gcgagaagtg ggacgcacca aactggaggt caaggtggtc atcaagtcca actttaaaccl 1140  
 ctcaactgctg gctcagaaga tcgaggtgag gatcccaacc ccaactgaaca caagcggggt 1200  
 gcaggtgatc tgcataaagg ggaaggccaa gtacaaggcc agcgagaatg ccatcgtgtg 1260  
 45 gaagatcaag cgcataggcg gcatgaagga atcgagatc agcgagaga ttgagcttct 1320  
 gcctaccaac gacaagaaga aatgggctcg accccctatt tccatgaact ttgaggtgcl 1380  
 attcgcgccc tctggcctca aggtgcgcta cttgaagggtg tttgaaccga agctgaacta 1440  
 cagcgaccat gatgtcatca aatgggtgcg ctacattggc cgcagtgga tttatgaaac 1500  
 tcgctgctag ctgccactag gcagctagcc cacctcccca gccaccctcc tccacaggtc 1560  
 50 caggtgcgcg tccctcccc accacacatc agtgtctcct cctcctgct ttgctgcctt 1620  
 ccctttgcac cagcccagat ctaggctcgg gccaaagcaca ttacaagtgg gaccgggtgg 1680  
 gcagcccctg ggctccctgg gcaggggagt tctgaggtc ctgctctccc atccacctgt 1740  
 ctgtcctggc ctaatgccag gctctgagtt ctgtgaccaa agccaggtgg gtccctttc 1800  
 cttccacccc ctgtggccac agctctggag tgggaggggt gggtgcccct caccagag 1860  
 55 ctccccaaa ggccagtaat ggatccccgg cctcagtcct tactctgctt tgggatagt 1920  
 tgagcttcat tttgtacacg tgtgacttcg tccagttaca aacccaataa actctgtaga 1980  
 gtggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2040  
 aa 2042

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- 5 (A) LÄNGE: 725 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

20 TKWDGANVAL KDSQVAQSD GEESPAAEEQ LLGEHIKEEK ESEFLPSSG GTFNISVSGD 60  
 IDGLITQALL TGNFESAVDL CLHDNRMADA IILAIAGGQE LLARTQKKYF AKSQSKITRL120  
 ITAVVMKNWK EIVESCCLKN WREALAAVLT YAKPDEFSAL CDLLGTRLEN EGDSLLQTQA180  
 CLCYICAGNV EKLVAWTKA QDGSHPPLSQ DLIEKVILR KAVQLTQAMD TSTVGVLLAA240  
 25 KMSQYANLLA AQGSIAAALA FLPDNTNQP IMQLRDRLCR AQGEPVAGHE SPKIPYEKQQ300  
 LPKGRPGPVA GHHQMPRVQT QQYYPHGENP PPGFIMHGN VNPNAAGQLP TSPGHMHTQV360  
 PPYPQPQPYQ PAQYPFPGTG GSAMYPQQP VAPPTSNAYP NTPYISSASS YTGSQLYAA420  
 QHQASSPTSS PATSFPPPPS SGASFQHG GPSSSAYA LPPGTTGTLP AASELPASQR480  
 TENQSIQDQA PMLEGPQNGW NDPPALNRVP KKKKMPENFM PPVPITSPIM NPLGDPQSOM540  
 30 LQQQPSAPVP LSSQSSFPQP HLPGGQPFHG VQQLGQTGM PPSFSKPNIE GAPGAPIGNT600  
 FQHVQSLPTK KITKKPIPDE HLILKTTTFED LIQRCLSSAT DPQTKRKLDD ASKRLEFLYD660  
 KLREQTLSP ITSGLHNIAR SIETRYNSEG LTMHTHIVST SNFSETSAFM PVLKVVLTA720  
 NKLGV 725

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 476 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

PTPAPAQRFR EGGSGAPEQA ECVELLALG EPAEELCEE LAHARGRLEK ELRNLEAELG 60  
 PSPPAPDVLE FTDHGGSGFV GGLCQVAAAY QELFAAQGPA GAEKLAARF QLGSRFALV120

ERRLAQEQGG GENSLLVRAL DRFHRRRLRAP GALLAAAGLA DAATEIVERV ARERLGHHLQ130  
 GLRAAFLGCL TDVRQALAAP RVAGKEGPGL AELLANVASS ILSHIKASLA AVHLFTAKEV240  
 SFSNKPYPFRG EFCSQGVREG LIVGFVHSMC QTAQSFCDSP GEKGGATPPA LLLLLSRLCL300  
 DYETATISYI LTLTDEQFLV QDQFPVTPVS TLCAEARETA RRLTHYVKV QGLVISQMLR360  
 5 KSVETRDWLS TLEPRNVRAV MKRVVEDTTA IDVQVGLLYE EGVRKAQSSD SSKRTFSVYS420  
 SSRQQGRYAP SYTPSAPMDT NLLSNIQKLF SERIDVFSPV EFNKVSVLTG IIKDQP 476

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106 :

10

- (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

QGRESLCQLS AAKGRGGRGP CPTVPAPAPE AEVQALRGPV QCEPDPSSES SARWSSRPFP 60  
 CRCPARRPRH AVSRLFGRCA ADEQAAYYYQ VLNFGMIVSS ALMIWKGLMV ITGSESPIVV120  
 VLSGSMPEPAF HRGDLLFLT N RVEDPIRVGE IVVFRIEGRE IPIVHRVLKI HEKQNGHIKF180  
 30 LTKGDNNNAVD DRGLYKQGOH WLEKKDVVGR ARGVFPYIGI VTILMNDYPK FKYAVLFLLG240  
 LEVLVHRE 248

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

35

- (A) LÄNGE: 288 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

QDLLLQSAAQ DADSSSALPR SRRFTMVKIA FNTPTAVQKE EARQDVEALL SRTVRTQILT 60  
 GKELRVATQE KEGSSGRCLM TLLGLSFILA GLIVGGACIY KYFMPKSTIY RGEMCFDSE120  
 DPANSLRGGE PNFLPVTEEA DIREDDNIAI IDVPVPSPFS SDPAAIHOF EKGMTAYLDL180  
 LLGNCYLMPL NTSIVMPPKN LVELFGKLAS GRYLPQTYVV REDLVAVEEI RDVSNLGIFI240

YQLCNNRKSF RLRRRDL LLG FNKRAIDKCW KIRHFPNEFI VETKICQE

288

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (A) LÄNGE: 431 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

20 TCVPARRFGL KLSCLQYYTG PSNATAGMET EGSCLENPKY YNYVGVL SLI ATIMLVQVSH 60  
 MVKLTLM LLV AGAVATINLY AWRPVFDEYD HKRFREHDLP MVALEQMQGF NPGLNGTDRL120  
 PLVPSKYSMT VMVFLMMLS F YYFSRHVEKL ARTLFLWKIE VHDQKERVYE MRRWNEALVT180  
 NMLPEHVARH FLGSKKRDEE LYSQTYDEIG VMFASLPNFA DFYTEESINN GGIECLRFLN240  
 25 EIISDFD SLL DNP KFRVITK IKTIGSTYMA ASGVTPDVNT NGFASSNKED KSERERWQHL300  
 ADLADFALAM KDTLTNINNO SFNNFMLRIG MNKGGVLAGV IGARKPHYDI WGNTVNVASR360  
 MESTGVMGNI QVVEETQVIL REYGFRFVRR GPIFVKGKGE LLTFFLKGRD KLATFPNGPS420  
 VTLPHQVVDN S 431

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

APRYQKAWPT LASQPAAGGI CHEGSASLAR PAGASFCCHF VERYGFMGVP GTCLCAFVAV 60  
 CVTLTVPM SH PRPTALRKHL VRTSPHP SCL PSQQR PQRAI YTSRLAPGAL GGHC SVCLLP120  
 50 GLAGLACGAF PGPAWVTRCC HSARSVLTHQ GRWGLVRDAS LRLFPT EGPE SGATCHPRLR180  
 LVTRPPHPVC VYVIVTLNSI H 201

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110 :

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

PLHGKISHPS PETDFRGKET RLLEDQPLLK KGLLRVSTA EQMAWGRQGS LGRGWEGGQR 60  
PGRAPPSGGF GRCVPWCCHQ EPRGRGVGCD SPSLGPVLVI SILRDITHPG QGLVPTLLND120  
LQVAHLDAGG SEVQGSRT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

VTASRDPGWP WEGATGEACE SREQADATVA PERARCQPRR VNGPLRALLG RKTRRVRRARP 60  
HQVLPECRRRT WVGHGDSGN TNSNECTKTS SRNTHKPITF NKMATKRRPC WPGEAGASFV120  
ADATCSWLAG KRWPSFLVPG SSTA 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112 :

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

10 HLGGLLGTRR VFPYSRRCPN RSAWMLFAS FWIQGRKVLL FKLQLFHLVF FLFFPNLHRW 60  
LFLKSTPFPF VEAALPMAMV PCATSTTLAH AIMTSGRAMP TRWVPCDSSI CSLRDTRVHR120  
IMAEQGGGLVP RIS 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113 :

(A) LÄNGE: 412 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

30 GDSWHQPSLF RHDSVDSGVS KGAYAGITGN PSGWHSSSRG HDGMSQSRGG GTGNHRHWNG 60  
SFHSRKGAFA QEKPPMEIRE EKKEDKVEKL QFEEEDFPSL NPEAGKQHQP CRPIGTPSGV120  
WENPPSAKQP SKMLVIKKVS KEDPAAAFSA AFTSPGSHHA NGNKLSSVVP SVYKNLVPKP180  
35 VPPPSKPNW KANRMEHKSG SLSSSRSAF TSPISVTKPV VLASGAALSS PKESPSSTTP240  
PIEISSRLT KLTRRTTDRK SEFLKTLKDD RRGDFSENRD CDKLEDLEDN STPEPKENG300  
EGCHQNGLAL PVVEEGEVLH HSLEAEHRLH KAMGWQEYPE NDENCLPLTE DELKEFHMK360  
EQLRRNGFGK NGFLQSRSSS LFSPWRSTCK AEFEDSDTET SSSETSDDDA WK 412

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

5 MLTVKSDPVN SVCLGSIQKK SFFSFSYVVE YFIHKGNNHI PKREQLACFA FVIVLPCYLL 60  
YREKFVWDR FFKHTHTHTH IHTQYIWGDA QVGAGSAGKR RHWSAATAST TSPWGTHPCD120  
QAIIVNDKVT IEVIVLN 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115 :

10

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

GGLSAHFQTG PLAPRGHGED PAIPPHPGIK SHPRSWTRPP RMRRMTETS RCTSARAWPR 60  
PGKWRCATLC STTPHCPRPC RPPAHLHCH DLEADRRPPA PRPRGPRGGA GPGASH 116

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

50 PFFFFFRRS EMDFNWLLSL ELPTRSCALR FSMPPPVWGS KPNRRGAGDQ EVSWHKGSGV 60  
SLARGPRAWS PRPSQKHTAS KHVFSGLQA LPLPGGLEVG EQVGVCLPPG HGSAGGELGA120  
GRGADSAAWS NRGLRTSISP VGARPGHSYT VKSPSSFSSS EEAVSSSLGG SLCLGGGGSL180  
GPPHALEVPV AQSGSGHSAH LSPGVAGEHS PG 212

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

NYPPVPALYG SPCPLQFGGL NRTGEVQTR RCPGTKVRGS PWQGVPGPGA RGPASTQHQ 60  
NMFLVGSSRP CSPGASRSG SRWASVCLQV MAVQAVSWG P AGARTVRRGR TEGCAPPFPR120  
SGPGPGTRTP 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 118:

SSLWSLEPGK CVLVNLSKVG EYWWNAILEG EEPIDIDKIN KERSMATVDE EEQAVLDRLT 60  
FDYHQKLQ GK PQSHELVHE MLKKGWDAEG SPFRGQRFDP AMFNISPGAV QF 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

- (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 119:

10 LQPRCKDEIM RQVLRPVFQV LTGALGAHRR EYGSAAATGTV HLPVCQAQSM DKPHSRAVHP 60  
GTMHGQQESR PADAKRAYCQ GKVPAHAHSL WILGLWGLSW RVSLWVVSGL QWWLTPLVRK120  
HSWEVFCGSK HVAPIITGEQ KALDTPFGM 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120 :

15

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 120:

TRRAPWNAG SQEGQPRIRL CLPTGEGFLS FWSLKLHSPR GDVEHGRVES LASEGRTFSI 60  
PPLLQHLMDL QLMALWLAQ LLVVVKGKPV QHRLFLLIHG GHGALLVDLV NVDGLFSLQD120  
GVFPILAHLA QVHQNALPGL ETPERT 146

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121 :

(A) LÄNGE: 307 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 121:

5 RLDTLDRVVK PRTKRAKRFL EKREPKLNEN IKNAMLIKGG NANATVTKVL KDVIYALKKPY 60  
 GVLYKKKNIT RPFEDQTSLE FFSKKSDCSL FMFGSHNKKR PNNLVIGRMV DYHVLDMIEL120  
 GIENFVSLKD IKNSKCPEGT KPMLIFAGDD FDVTEDYRRL KSLIDFFRG PTVSNIRLAG180  
 LEYVLHFTAL NGKIYFRSYK LLLKKSGCRT PRIELEEMGP SLDLVLRRTN LASDDLYKLS240  
 MKMPKALKPK KKKKNISHDTF GTTYGRIHMQ KQDLSKLQTR KMKGLKKRPA ERITEDHEKK300  
 SKRIKKN 307

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122 :

- 10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 122:

25 SSKGLVIFFF LYSTPYGFFS AYTSLSFTVT VAFAPPLIS MAFLIFSLSF GSLFSRNLLA60  
 LFLVGFTRRS RVSNRYRYLQ LLTRGHARAL GDYVR 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123 :

- 30 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 123:

45 LTLTFLGGIK LRNDTGSQES GLFGWILNHN QEIVFIWCNH NFIFLGANSK EGEIVLGVDV 60  
 THGAPCLQDE AVHEAGILGG GGVVHGALDG NAFCVHDDDS LHSLLALQSL QCLLHLCHFR120  
 PIR 123

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124 :

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

15 RRKAQDSLSV RYAGLPDRSE MAEEETLKR LQSQKGVQGI IVVNTGPII KSTMDNPPTT 60  
QYASLMHSFI LKARSTVRDI DPQNDLTFLR IRSKKNEIMV APDKDYFLIV IQNPTE 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

FRIQPNKPLS WLPVSFLNLM PPKNVNVNHV SGLAHGSRLE PTHTNPVTVC GLAALLPHQR 60  
NPCVHQPSPE LRSALSSLPG FGARACRKPA PSFLLTFSSL CRPWRKLFFF N 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 278 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

5 SKRFLVSSCR KTWQMDVML LDTWDQVFW VGKDSQEEK TEALTSAKRY IETDPANRDR 60  
RTAITVVKQG FEPPSFVGF LGWDDYGSV VLKTPSAAYL WVG TGASEAE KTGAQELLRV120  
LRAQPVQVAE GSEPDGFWEA LGGKAAARTS PRLKDKKMDA HPPRLFACSN KIGRFVIEEV180  
10 PGELMQEDLA TDDVMLLDTW DQVFVWVGKD SQEEKTEAL TSAKRYIETD PANRDRRTPI240  
TVVKQGFEPF SFVGWFLGWD DDYSVDPLD RAMAELAA 278

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127 :

15 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

30 IFAGLFLDTV KKKRTNTHQ QSCSARSKAS LREGQFQKAL TGD MGGPCPS SGSQLSHGPV 60  
QGVHRPVIII PAKEPAHKGG RLKALLHHGD GRPPIPIGWV RLDVPLSRQ GFCLFFFLRI120  
LSNPKDLVP GVQKHDVIRC QVFLHELTRN LFDHKTSNLV GAGKEARRMG IHLLVLQPGW180  
CAVGSLPAQG LPEAIWLAAF CHLHRLGPQH PEQLLGPRLL CLAGSCTHPQ VGG 233

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128 :

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

TGNLALCIIS HVGKTSTLQL GFQYLAFIYF LAMTLTRFCQ VIKMRAFLRI TYSFRVEWQS60

ARRHI

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- 5 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

20 TTWMYFPPSL TELHLDGNKI SRVDAASLKG LNNLAKLGLS FNSISAVDNG SLANTPHLRE 60  
LHLDNNKLTR VPGGLAEHXY IQVVYLHNNN ISVVGSSDFC PPGHNTKKAS YSGVSLFSNP120  
VQYWEIQPST FRCVYVRSAL QLGNYK 146

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

GVLAAREPLST AEMLLKLNPV LAKLFSPFRL AASTLLILLP SRCNSVREGG KYIQVVYLHN 60  
NNISVVGSSD FCPPGHNTKK ASYSGVSLFS NPVQYWEIQP STFRCVYVRS AIQLGNYK 118

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

DCPNVQNYII LTLKSCERVA AVSLAHCDFK PKEELLIKDA QPCDQEPPNT GHEETRRGRS 60  
FIKRPFGTPE PGPFVKGDRG ILGPLHLQLA TFGQSFSALG LCF 103

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

LTKCGQLQVK GPQYPPISLK HRAGKGGSKG PFYERPAPPS FLMASIWRFL ITGLGILDQE60  
FLLGFVETVG KADSSNPFT 79

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136 :

(A) LÄNGE: 235 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:



5 GSQGREGWEG QTLPRQSSHW TGHQTASQGL ALPFPPTPTQ VEGEQLSPEP MLVKVSAQHG 60  
 TNISGEPEGI QHWEQVEKGC VAGVTEPGFD GDGIVWMAV SPWGVIQDHN AGEVTVDHRE120  
 VLDVAAQLQS AVLSVISPLK NASAIVQFIC HSRAIDLHAC CKHHQLVPLA HHFQEEIHMGI180  
 PLMYKKPDRM FVYYHLEDEV RRRTRPDCGP QDPIMVGVNK CLIQIQHQL PLHLG 235

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

10 (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

25 FPFPPGLGGP HPSPTCLGPQ PAPKPSVPLP AHVGPRGLPT PVPQLPVPLG FTLARGGFLS 60  
 GPLRAPLCSV SCHSGPFCPV PAAGGCPRGA GGAGPRGPRG RRCRVIGMMR TQCLLGLRTF120  
 VAFAAKLWSF FIYLLRRQIR TVIQYQTVRY DILPLSPVSR NRLAQVKRKI LVLDLDETLLI180  
 HSHHDGVLRL TVRPGTPPDF ILKVVIDKHP VRFFVHKRPH VDFELEVVSQ WYELVVFTAS240  
 MEIYGSAVAD KLDNSRSILK RRYRQHCTL ELGSYIKDLS VVHSDLSSIV ILDNSPGAYR300  
 30 SHPDNAIPIK SWFSDPSDTA LLNLLPMLDA LRFTADVRSV LSRNLHQHRL W 351

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

50 AASSAVMGLI ETTRGLPGA GGTQRLPRCL GVALAKELIF TGRRLSGTEA HVLGLVNHAV 60  
 AQNEEGDAAY QRARALAEI LPQAPIAVRL GKVAIDRGTE VDIASGMAIE GMCYAQNIPT120  
 RDRLEGMAAF REKRTPKEVG K 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

GVSENRVSLD ILQSATVLGF QPKAKLRQGR AQRVLRQKLL PLLVQPLAAV VSVTCQNLLP 60  
SFWEYLTLNR AIAVTSQGGQ RAMSSLPILS KSDLSTMFRK KVSLRDSLMS AELITKVFGQ120  
EYWHQPNLHY LF 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

PVPGWNILGI AHPFNHPRC NVHLRSSVNG YFAQPHGNGG LGQDLLGQCS CPLVGGVPLL 60  
VLGHSVIHQP QYVGLSSTQS SAREDELLRQ GHPQTTGQPL SPSCPREEPS RGLNQSHDCR120  
GSCSDRTK 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143 :

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

10 ASRAPSAPE RPSRSPLRGT WRQNGCPRET GGAQGREAPG PAGGGGGGSR WAESGSGTSP 60  
ESGDEEVSGA GSSPVSGGVN LFANDGSFLE LFKRKMEEEQ RQRQEEPPPG PQRPDQSA120  
AGPGDPKRKG GPGSTLSFVG KRRGGNKLAL KTGIVAKKQK TEDEVLTSGK DAWAKYMAEV180  
KKYKAHQCGD DDKTRPLVK 199

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

35 FVPASAFANE AKCGARTALP LRIPGASGGG RLVGSLRTRG RLLPLPLLL LHLPLEQLQE 60  
AAVVGEOVHA ARHRARTRAR HLLVPALGRR PRSRLSPTAP ATATARGARS LPALSSARLP120  
RAAILSPGAA QRTPGRLRP RAWRPTR 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40 (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

ALYFFTSAMY LARASPLLVN TSSSVFCFLA TIPVLRASLF PPLRLPTKLS VEPGPPFLFG 60  
SPGPAAADW SGRCGPGGGS SCRCRCSSSI FRLNSSRKLP SLANKFTPPD TGLEPAPDTS120  
SSPLSGDVPD PDSAQRLPPP PPPAGPGASR P 151

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- 10 (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

```

25  PSLRIHHSLF  GDVKKV.ITDE  FVKQKYLDYA  RVPNSNPPEY  EFFWGLRSYY  ETSKMKVLKF  60
    ACKVQKKDPK  EWAQYREAM  EADLKAAAEA  AAeAKARAEI  RARMGIGLGS  ENAAGPCNWD  120
    EADIGPWAKA  RIQAGAEAKA  KAQESGSAST  GASTSTNNSA  SASASTSGGF  SAGASLTATL  180
    TFGLFAGLGG  AGASTSGSSG  ACGFSYK
                                           207

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147 :

- 35 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

50 ERASKLVKYL LVKDQTKIPI KRSDMLRDVI QEYDEYFPEI IERASYTLEK MFRVNLKEID 60  
KQSSLYILIS TOESSAGILG TTKDTPKLGL LMVILSVIFM NGNKASEAVI WEVLRKLGLR120  
LGYDLGSLSA CCPCCPLARE DGPRIASVWW SGGAGGVLDW VEGPGF 166

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

RERLAGLTIS KISLVGETTG TRAATGAGTS STKASEEPKC ESGGQAGTST EATTGAGTGT 60  
GTVIGTGTGT SAGTATLLGF GFSFCSRDP GFPGSDISF VPVAGPGSIL RAEPNAHSSS120  
NLGPSLGFSC SLSCSLQIRF HRLSVLSCP LGILLLYLAG KLEDFHLAGL IVRAQAFEEL180  
20 IFRGIAIGDS GIVQVLLHK LISDELLHVP KE 212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

40 AFLEPAPGHR QHAPASRLRE STQLPRPFTS TAAAGMAASV EQREGTIQVQ GOALFFREAL 60  
PGSGQARFSV LLLHGIRFSS ETWQNLGTLH RLAQAGYRAV AIDLPGLGHS KEAAPAPIG120  
ELAPGSFLAA VVDALELGPP VVISPSLSGM YSLPFLTAPG SQLPGFVPVA PICTDKINAA180  
45 NYASVKTPAL IVYGDQDPMG QTSFEHLKQL PNHRVLMKG AGHPCYLDKP EEWHTGLLDF240  
LQGLQ 245

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

10 R S S S R P Q V T A S T R L L P V C A S P R S S P G P S P A Q Q Q Q A W Q Q A W S S A R A P S R C R A R P S S S E R P C 60  
P A V G R L A S L Y C C C M V F A S P P R P G R T W V H C T G W P R L A T G L W P L T C Q V W G T P R K Q Q P L P L L G 120  
S W P L A A S W R L W W M P W S W A P R L 141

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

W T D H N R G A Q L Q G I H H S R Q E A A R G Q L P N R G R G C C F L G V P Q T W Q V N G H S P V A S L G Q P V Q C T Q 60  
V L P G L G G E A N T M Q Q Q Y R E A S L P T A G Q Q L S E E E G L A L H L D G A L A L L H A C C H A C C C C A G E G P 120  
35 G E L R G L A Q T G S R R V L A V T W G R L E E R 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

IVLARNTNFW LSFLFPVALD ILIVLKFLKY ISWPLEYCQR QKMEVSYSFH FCLLGSL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

5

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

ATEGIPGDKS GMNKKQTSFA SGSTQGARRC TSKTLRQLKC QVPQGREMIT RNLYF 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

25

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

YYLTQLHNTK TNTNKKGLGS WASFTFFPLF VSFFYLISPK GSRCLDIQSA VERKEGKKTP60  
N 61

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

50

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

TTEMDLIHKL MCESLDKSRD SSFVKIKCTV EYEVTNHVAF PSTNTYIH

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

15

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

QMNCPYFYLR THTSICVLNP SLWSTQGFDP DFTSLLLASV SYSVPDHFS

49

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:



FFFFFFFF LGRSLGFIRS VGT LFRSEAP PSHGVGDSSG RGNPSEHPGG CVVSMYFALP 60  
SLFHGVPCQG QALICGEGSK QRRRPFRGGE RAVAPRTPSP AHDIPKETK IKPRGLST 118

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FFFFFFFF GKKPWLYSLC GDTVPRGPS QPWGGGQWWA WESQRASWRV RRLHVFCSSP60  
SFPWGPLPGS STNMW 75  
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

NKAPGPFYVG APLKYG MVVG REAVAQQSL S PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRRVGGGRKY60  
45 LQGGTVS EEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60  
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHPGW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120  
15 PSLACLPLCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

(A) LÄNGE: Aminosäuren  
20 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

35 ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRWGL 60  
LGGAGCWWEG GHRAWLVFPA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

40

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

5 SHIPGPKSVN TKHVRQCQHL PPASQAAVPE GKGLQPSAF IRAAAPRQQY WEPLSSPRIN 60  
SEASDPADLN HQGACQRRGS DSAGQASRLY KFQKAGLHSD LFQQLLPARE APSETQRLHN120  
THHVPGWCSG SPYQEEAPPC EGGGPEGGPR KPDQEPGNQV QDLPGHARV 169

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

10

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

IIREPVRGGA VTLRDKQAGY ISFRRLGSTQ IFSSSCCLPE RRLQRPSAYT IPTMSQAGAQ 60  
EAPIKKKRPP VKEEDLKGAR GNLTKNQEI KSKTYQVMREC EQAGSAAPSV FSRTTGTET120  
VFEKPKAGPT KSVFG 135

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

10 RAWTVGEGGS PRDSRGEEAF WHKKEFLGKA PVSEHSGSKG SGANFSAEDT LGGSGFGLLK 60  
DSLGTACAGAA EHRRGGRASL LTLSHDLVGL GLDFLVLGQV SSGPLQVLLL HRGALLLDRG120  
FLSTSLGHGG YCVSAGSLKA PLWQAAAAGK DLGSAQPSET YIACLLVPQS HCPSSDRLPD180  
DSGPQGRWLQ SLFSEMRGAP STAAWGLQP 209

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

20 EKYEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADFQ QTLFPLFKEL60  
VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

25 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

40 EKVPQRQNHN MSRRNKKLLD IPGSFLYDSG LQVKFLSLSS EEFELIPAKY FNLFITASSP 60  
IFFLGKGLG LGPKLLAGGG AMCHSITDGC KCFTEQGSGL QQL 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167 :

45 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

10 ENSRHPRLQN QTNRSRRALR SCRTKAWRRS GPRDPKMRH GVGPAFRVVR KMAASGAERR60  
SWYNTWCYER IYHKLRSFGR RAHW 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

15 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO168:

30 SQDAPGSRSG LSGGQEDGGL WGGQVVLVQY LVLKDLQA PFSWPAGALV AQACHAATAA 60  
LHTRDHPHT AAYLQELGRM RKVVLEAPDE TTLKELAETL QQKNIDHMLW LEQPENIATC120  
IALRPYPKEE VGQYLKKFRL FK 142

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

TIGTSSNTGP LLPWGRAGEQ YKWRYSLVAQ ATACGQCSSV AGSRPAPLGW SHLGPRGFLC 60  
ACAPALGGKR LCAGGRGECA RPRWPRDKPA LPVRPPARRT ELVIDPFVTP SIVPGPALRP120  
RGRHLPDHPK GRTYSPVHLG IRAGP 145

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

25 DPQGPETAAP RALGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120  
DFGRSAAATA SGLIFIFAL RWLKAFI 147

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 30 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

45 INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGS 147

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

15

SWPFNPTRAL PCSSTSKGSW PLIRICPPET PPDAGPGDA VLCTGNRHC QISTLLPLGR 60  
LGASCSDSQS GEMTLTLLES WWQAAVHGGE VSALDWTEER LLPWGHTAK LLPPLH 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

20

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

NCSQGQQLAT FSSDWEIQED SRLMCSSVQK ALFEEEDHVK KLQKQVATLE KRNRLRERV 60  
KKVKRSLRQA RKKGRHLELA NQKLSEKLAA GALPHINARG PVRPPYLRG 109

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

LHVRNLTHSQ LPPGLALHTW QPPGPLPPQV GGAHGPPGVD VRQRARRQLL TEFLVRQLQV 60  
AALLTRLPOG PLDLLHSLPE LPVALLQGGH FLLQFLDVVL LLKQGLLHRG AHEPTVFLDF120  
PVTGESRQLL PLRTV 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

HPLRHSLCVL KPCECALSPG SLLLLLTLVL LTKSLEGRT ESKFGIVENK CRFLSRNHCE60  
GAVYCRML 68

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

LQPRDRGPLD MAPRRQNLFK MNGESVERV GVGYIGTLGR HPCMPPEFFF LPVKTQGLLV60  
NAE 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:



- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

NSAFTRRPCV FTGRKKKKGG IQGCLPKVPI YPTPTLSTDS PFPILNKFCL LGAISRGPLS 69  
LGCNYNLQGS ADLLLFSLFP ATLSYICTV PTPYYLFIDK LIVITFYNTL LPHNDFYSRT120  
CIYFLLSQIY SQFFPQDF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

SLDNKKISRA RHSGHTCNLS SHDHTNALQP VKQSETLSLQ KNKKEKKEKI SYIYPCNFHF60  
LFSSFFFPSP VTSFLPDDFL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

10 MESGMFFAGF SYCKLWQIQG SLHLLFISYA SKSKTFLYQD NLEEKKGKG KEKAEGTNKS60  
NWQKLSIIIVY TLNYINNHHI CK 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

15 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

30 NRVRCLLYRK IKKKRKKRSH IFTHVIFISC FLHSSFHLVS LPFCLTTSFN VFYSSGLQDS60  
LSFVCLFLFL KDIFTVY 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

35 (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

50

RNEQNTRTHI HPHLHMRTHV LCYHWPRKRE SQDSRAWTWG KGLLWDSAPQ PLGGPRVWGQ 60  
DWVSALTHRI SPGPKAEEKS GRRSRQGWV TKVGVRLKSG SETRFDHTHH PSVPPGQHAP120  
LEPLHRLIRT RQNLNLTNLL RAVYRGITLV QEGCPSCFHT TTGPTIPLLA SLRRPRDPQK180

PGEKESWPLV STAERATGGD AQMTWVKGLS QT

212

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

20

SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS IHQDLYTVAA AIGTMIQNIK YISIIYINTQL 60  
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSLSHTLM CSHTHAQTKH120  
RHRVSNLSLT LIGKQAWDIP LQ 142

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

TEVLQHFGHL RTEGPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT 60  
LNLKFHCPAP PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK120  
45 GCSGTLPPNL LEDPECGRRI GCLP 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

FRPWTLDLVD EGHWPGRVVF GGRRLAWVP TGCLTSSCSL HLGCVGQGLC CHSRNRFSSV 60  
GLPFLHPGLK WMPDANPSSG HVQPAGQPRG SLSSRAKDSR LPFSLLAFLI CPAVAAGEAA120  
AAGGRRSCLS APPCPTPAPA LEIWSPLELS WTGGQLRACA LNAALSRGRE QDGEWKESPP180  
15 GFVNCKKGPF QDDTRNRARA LAQSLGACLF FIIVFKSL 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

20

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

35 PAVNLRAHTR ASAQSPRGQL QDSERNVNFR KTNHFSHKCS KYCVGHINAR KLSFVYLKFA 60  
FNSALCFGFA KSGQPWPQKS VGGGLRKERE VVSTEGIEGR EGITQPKRKK RLSPHRNDIL120  
FKKKIVLQKY SALAFLSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

5 QHSPCPTQPK CREHDEVRRP VGTHASPLRP PKTRGPGQCP SSTRSRVHGL NOGSWLPLRR 60  
RVKGHSGVGA GRRCSEQELPV ATHCPPHTRI MKENSLSGCL ETAARALSGP RKAGCAPPGC120  
LSAAGEGAHV PCGVAAHAAG 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 10 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

25

GTSYLPHTL VYLFTERLNC HLAHSHKCV LYFKKNMPRF CLSVDSTFTS IKNSNLTKLD60  
FHYKAAVFQS SMLTYMYIKI IAYLLIYK 88

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFPDVVN NINASAVGPL LRCLRRNFVL60  
AISINFVFYL QFGRRKVT 78

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

15 NTKLMDMAKT KFLRRHLSKG PTADALMLFT TSGNQVGHG TITMAGNEFN KNFTFWLKIT60  
YWCKKIPNQI KSYCFD 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- 20 (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

SLLSQGFACK HSNCFEFHFA FSKLEVFN

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 40 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

5 VQLWHQSWSP QQTHHTFILK TQYILLQVKI YKSSFKEHPF QCPSRIVYSV C 51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

10 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

25 SRSNTPSCVL SFPDTAYLDG VSLPDFELLS DPEDEHLCAN LMQLLQESLA QARLGSRRA 60  
RLLMPSQLVS QVGKELLRLA YSEPCGLRGA LLDVCVEQK SCHSVGQAL DPSLVPTFQL120  
TLVLRDLSRL WPKIQGLFSS ANSPFLPGFS QSLTLSTGFR VIKKKLYSSE QLLIEEC 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

30 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GGGGGIVFPR KLIELCAGGC ALGTHTPQYC SMKQRLRGQQ GFQLDVCVAC TLLFLLLTVN 60  
SGVTSREQLG CSRPSLAQGE GRGTCSEQP EGGGRSEVVE VVCVSYWSEG TKCVCCFLFC1120  
LFF 123

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

SPPQKFSRLC LGGHCRRPPQV EVQHSSMSSC SELYSFFLMT RKPVLVSRDW LKPGRKGELA 60  
ELNSPWILGQ SRESRRSTRV SWKVGTRLGS SASWPTLWQL LPCSTQTSSS APRRPHGSL 119

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

YISLCYHAWG RKRMAPECHP HLTSPAPRL CPEHVLASRE SRSSHCVDRK RKSPGEGWEG 60  
MKLGPGVGVG AVACGPGILK RKKSSNTSVL SGEKTTALHI LVPNGGYSP LSGVLWSFLI120  
PFTRWSNSHV RFLSSLLSKH IR 142

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

LKSLPPLPRT LTFSVHAMTG TGFSSRSKHL WAEAGCFRGG QVGVAFWGHA FSSPCVVTQG60  
NVLTVKENSK AGHTGRARLA LLSPVLCKDG VGRGDSRD 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

KKNSSLPSPL TPASAPIMKA FSPLSTLKAK IKQNPICDNI SDLKGGKKVS LNEASHGSKM 60  
30 ALFLCWGSTT FHGSHLCCAH LICLDNKELR KRTCELLHRV NGIRKLQRTF ESGGE 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

APVRVPALCP RGWVSSAPVP GLLILGPASS RSARLLFPAL CEAKEEQPV QNPRRTGKGG60  
50 EISTWKNSTV KMKEWLQTKR RWKMKNSHKT RESQK 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60  
LENEGKTENK GKTGDEEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60  
LPEYKLLAF SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHC RVFPCRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120  
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

10 RDARINYGST FFPLLFSQL SLLFWVPLRI NGCKVFSCAF ILCHSIGRRC NGRIASCWGF60  
SFKHCK 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

30 HRQHSPLFRP STCIVKITAY PPQISSIHCS CYARMCPKSC FNFFFLNVIM FWMIEQGCL 60  
FFIYYHYILY YIIYFLLSYN FGGKSNLGI KIVLKRSKFS S 101

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

TLQVTEKPTQ LDCIFEVHMV AISLAVFEGK PPTRCYSVT PPSNRMTQNK GTGKYLT SIN 60  
PKWDPKQKRQ LAQE QEGKKG TAIIDPSIPS WLQCVTLTFQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

5

- (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

NRHFEIIWNL NCWIIWSTI LILPFYFRR IINKHTDESL GDCSFLNTCF HMDTCKYVHY 60  
EIDACMDSEA PGSKDHTPSQ ELALTQSVGG DSSADRLFP QWICCDIRYL DVSILGKFAV120  
VMADPPWDIH MELPYGTLTD DEMRRLNIPV LQDDGFLFLW VTGRAMELGR ECLNLWGYER180  
25 VDEIIWVKTN QLQRIIRTGR TGHWLNHGKE HCLVSSSGAQ FNRWSTKKNH LISY 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

30

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

45 YQQKCGSFGG LGSTYLSYDH ITIQTLEAL GISFDTNLLT TDNRLPYETT PLNFFSVRNQ 60  
MILLCAPPIE LGPTAAHQAV FLPMVQVTC TACPNDALQL ICLHPNNFIY PFIPPEV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

50

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

YGYVEPAHLI ICQGPIGQFH VNIPGWVSHH NCKLAQDQDV QVADITTDPL RWEESVCTGI 60  
TSDTLCKSKL LAWRVVFAR GLRIHASINF IVNILAGIHV ETCIKERAVT 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2534 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

GCAAAACAGT ACAACCTTTT TGATTTTTTA ATAATACTGT AATTTTACTT CTGCAGGAGG 60  
TAAATGATT GTTTATCTAA CTTGGAGAAG CCTTCCATTT CATCTTAAGT AATGCATCTG 120  
TAAACATAAT AAAGTTCCAG CCTGTGAAGG GAACATCACA TCACATCACA TCACATCACA 180  
TAGGGCACAT CCCTTTTTTT TTTTTTTGAG ACTGAGTCTC ACTCTTTTGC CCAGGCTGGA 240  
GTGCAGTTAC TAACTTTCAT ATGATTAGTC CCTGGTAAAT TTCCCCATCT TTCCCGGTAT 300  
TTCTGGGGGA GCCGCGGGAG GTGGCAGCTG AGCGTGCACT ACCATGCACA GCCCTCTGTG 360  
ACCAGCACCT GCTGTCTCT TGAACGTGTG TCCCTGCCCC CCGTCCTGGC CTCCAGCTCA 420  
GCTGTCTCCA GTACTACAG GGACCCAGCA ATGCAACGGC AGGGATGGAG ACGGAGGGCA 480  
GCTGCCTGGA GAACCCCAAG TATTACAAC ATGTGGCCGT GCTGTCCCTC ATCGCCACCA 540  
TCATGCTGGT GCAGGTCAGC CACATGGTGA AGCTCACGCT CATGCTGCTC GTCGCAGGCG 600  
CCGTGGCCAC CATCAACCTC TATGCCTGGC GTCCCGTCTT TGATGAATAC GACCACAAGC 660  
GTTTTCGGGA GCACGACTTA CCTATGGTGG CTTAGAGCA GATGCAAGGA TTCAACCCTG 720  
GGCTCAATGG CACTGACAGG CTGCCCCTGG TGCCTTCCAA GTACTCTATG ACGGTGATGG 780  
TGTTCCCTCAT GATGCTCAGC TTCTACTACT TCTCCCGCCA CGTAGNAAAA ACTNGGCACG 840  
GACACTTTTC TTGTGGNAAG ANTTGAGGTC CACGACCAGA AGGNAACGTG TNCTATNGAG 900

5 ATGCGACGCT GGNACGAGG NCCTTNGGTC ACCAACATGT TGNCTGAGC ACGTGGNCAC 960  
 GCCATTTNNC CTGGGGNTCC AAGAAGAGAG ATGANGGAGC TGTATNAGNC CAGACGTATN1020  
 3ATGAGATTG GAGTCATGTT TGCCTCCCTC CCAAACCTTG CTGACTTCTA CACAGAGGAG1080  
 AGCATCAACA ATGGTGGTAT TGAGTGTCTG CGTTTCCTCA ATGAAATCAT CTCGGATTTT1140  
 5 GACTCTCTCC TGGACAATCC CAAGTTCCGG GTGATCACCA AGATCAAAAC CATTGGCAGC1200  
 ACNGTATATG GNCGGCTTCA GGAGTCACCC CCGATGTCAA CACCAATGGC TTTGCNAGGC1260  
 TCCAACAAGG AAGACAAGTC CGAGAGAGAG CGCTGGCAGC ACCTGGCTGA CCTGGCCGAC1320  
 TTCGCGCTGG CCATGAAGGA TACGCTCACC AACATCAACA ACCANGTCCT TCAATAACTT1380  
 CATGCTGCGC ATAGGCATGA ACAAAGGCGG GGTCTGGCT GGGGTCATCG GAGCCCGGAA1440  
 10 ACCACACTAC GACATCTGGG GCAATACAGT CAATGTAGCC AGCAGGATGG NAGTCCACGG1500  
 GGGTNCATNG GGCAACANTT CAGGTGGTNN AGAANGAAAN CCAAAGTNCA TNCCTCCGAG1560  
 NNAGTACNGG NCTTCCGNCT TTGTNGANG CGANNNGCCC CATCTTTNNG TGAANNNGGG1620  
 AAGGGGGAGC TGCTGACCTT CTTCTTGAAG GGGCGGGATA AGCTAGCCAC CTTCCCCAAT1680  
 GGCCCCCTCTG TCACACTGCC CCACCAGGTG GTGGACAACCT CCTGAATGGC CTCGAGCCNT1740  
 15 GCAACAGNTC CAAACCGGAN AGGAAGAATT TNATTTTTTG AAACTGAAGG AAGTCCCGAC1800  
 CTTCTGGAT TGAAGTGCAC ACTCATGGAC TTTAGGTTTA GAAACCTCCT CAGCCTTCAT1860  
 TTGTTCTGGG ATGTGTGAGC TCTGAGGGTG GCCCTGCTAT TCCTCTGCGT GCCTGTAGTG1920  
 TCCCCAGCAT AGGGGTCTTA GGCATAGGGC TGAACAGTCC TTCCAGAGCC CTCGTTCCAA1980  
 TCCTTGCCGT CCTTGCCCTT GAGGGGCCCN TGACCACNTG TGAGCAGGAG GGTGGCAGAN2040  
 20 GCTGGGACAA AGCTGCCTTT GCCGCTGGGC TTTCCGGGAC TNGTGGAGGG AGCACAGGNC2100  
 GGGGAAGCTC CACTTCAGAC AGGGCTTGGT GGGGCNAGGA CATGGCTNCC CATTTTGAAG2160  
 GGAGGTCTCC ATGTGGTCCG AGTGAGGTGA GACGGCCCTC NGTCCTGGTG TTNCTGATC2220  
 NATNCTTGAA AGGTNCTTC TGGAACCCN TGTCCCTTA GTNCATGAGA ACAGAAAGTG2280  
 CAATATTTCC NTTTCNNACC TGGCAGGGGA GGGGGGATT ATTTCTGAAA GAAAAATATA2340  
 25 TAAACANNNN GATCTTCTAN CATTTATATT TTTAATCTTC TGTAAATAC ACTTTCCGAT2400  
 ATTGCCTTGC CTTTTGAGCT CTTGCTNACA GTCGCCTTG CTACTGCTTT NAAGAGAATT2460  
 TACAGGTATT GATAAAGAAC AAGACTGTTT TATTAAAAGC TTTATTCAAC TTGAAAAAAA2520  
 AAAAAAAA AAAA 2534

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2704 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

55 GCTTAGTGTA ACCAGCGGCG TATATTTTTT AGGCGCCTTT TCGAAAACCT AGTAGTTAAT 60  
 ATTCATTTGT TTAATCTTA TTTATTTTTT AAGCTCAAAC TGCTTAAGAA TACCTTAATT 120  
 CCTTAAAGTG AAATAATTTT TTGCAAAGGG GTTTCCTCGA TTTGGAGCTT TTTTTTCTT 180

CCACCGTCAT TTCTA ACTCT TAAAACCAAC TCAGTTCCAT CATGGTGATG TTCAAGAAGA 240  
 TCAAGTCTTT TGAGGTGGTC TTAAACGACC CTGAAAAGGT GTACGGCAGT GCGGAGAGGG 300  
 TGGCTGGCCG GGTGATAGTG GAGGTGTGTG AAGTTACTCG TGTCAAAGCC GTTAGGATCC 360  
 TGGCTTGCGG AGTGGCTAAA GTGCTTTGGA TGCAGGGATC CCAGCAGTGC AACACAGACTT 420  
 5 CCGAGTACCT GCGCTATGAA GACACGCTTC TTCTGGGAAGA CCAGCCAACA GGTGAGAATG 480  
 AGATGGTGTG CATGAGACCT GGAACAAAT ATGAGTACAA GTTCGGCTTT GAGCTTCCTC 540  
 AGGGGCCTCT GGGAAACATCC TTCAAAGGAA AATATGGGTG TGTAGACTAC TGGGTGAAGG 600  
 CTTTTCTTGA CCGCCCGAGC CAGCCAACTC AAGAGACAAA GAAAACTTT GAAGTAGTGG 660  
 ATCTGGTGGA TGTCAATACC CCTGATTAA TGGCACCTGT GTCTGCTAAA AAAGAAAAGA 720  
 10 AAGTTTCCTG CATGTTCAAT CCTGATGGGC GGGTGTCTGT CTCTGCTCGA ATTGACAGAA 780  
 AAGGATCTTG TGAAGGTGAT GAGATTTCCA TCCATGCTGA CTTTGAGAAT ACATGTTCCC 840  
 GAATTGTGGT CCCCAGAGCT GCCATTGTGG CCCGCCACAC TTACCTTGCC AATGGCCAGA 900  
 CCAAGGTGCT GACTCAGAAG TTGTCATCAG TCAGAGGCAA TCATATTATC TCAGGGACAT 960  
 GCGCATCATG GCGTGGCAAG AGCCTTCGGG TTCAGAAGAT CAGGCCTTCT ATCCTGGCT1020  
 15 GCAACATCCT TCGAGTTGAA TATTCCTTAC TGATCTATGT TAGCGTTCCT GGATCCAAGA1080  
 AGGTCATCCT TGACCTGCCC CTGGTAATTG GCAGCAGATC AGGTCTAAGC AGCAGAACAT1140  
 CCAGCATGGC CAGCCGAACC AGCTCTGAGA TGAGTTGGGT AGATCTGAAC ATCCCTGATA1200  
 CCCCAGAAGC TCCTCCCTGC TATATGGATG TCATTCCTGA AGATCACCAG TTGGAGAGCC1260  
 CAACAACCTCC TCTGCTAGAT GACATGGATG GCTCTCAAGA CAGCCCTATC TTTATGTATG1320  
 20 CCCCTGAGTT CAAGTTCATG CCACCACCGA CTTATACTGA GGTGGATCCC TGCATCCTCA1380  
 ACAACAATGT GCAGTGAGCA TGTGGAAGAA AAGAAGCAGC TTTACCTACT TGTTTCTTTT1440  
 TGTCTCTCTT CTTGGACACT CACTTTTTCA GAGACTCAAC AGTCTCGTCA ATGGAGTGTG1500  
 GGTCCACCTT AGCCTCTGAC TTCCTAATGT AGGAGGTGGT CAGCAGGCAA TCTCCTGGGC1560  
 CTTAAAGGAT GCGGACTCAT CCTCAGCCAG CCCCCATGTT GTGATACAGG GGTGTTTGT1620  
 25 GGATGGGTTT AAAAATAACT AGAAAACTC AGGCCATCC ATTTTCTCAG ATCTCCTTGA1680  
 AAATTGAGGC CTTTTCGATA GTTTCGGGTC AGGTAAAAAT GGCCTCCTGG CGTAAGCTTT1740  
 TCAAGGTTTT TTGGAGGCTT TTTGTAAATT GTGATAGGAA CTTTGGACCT TGAACCTACG1800  
 TATCATGTGG AGAAGAGCCA ATTTAACAAA CTAGGAAGAT GAAAAGGGAA ATTGTGGCCA1860  
 AAACCTTGGG AAAAGGAGGT TCTTAAAAATC AGTGTTCCTT CTTTGTGCAC TTGTAGAAAA1920  
 30 AAAAGAAAAA CCTTCTAGAG CTGATTGAT GGACAATGGA GAGAGCTTTC CCTGTGATTA1980  
 TAAAAAAGGA AGCTAGCTGC TCTACGGTCA TCTTTGCTTA GAGTATACTT TAACCTGGCT2040  
 TTTAAAGCAG TAGTAACTGC CCCACCAAAG GTCTTAAAAG CCATTTTGTG AGCCTATTGC2100  
 ACTGTGTTCT CCTACTGCAA ATATTTTCAT ATGGGAGGAT GGTTCCTCTC TCATGTAAGT2160  
 CCTTGAATT GATTCTAAGG TGATGTTCTT AGCACTTTAA TTCCTGTCAA ATTTTGTGTT2220  
 35 CTCCCCCTCT GCCATCTTAA ATGTAAGCTG AAACCTGGTCT ACTGTGTCTC TAGGGTTAAG2280  
 CCAAAGACA AAAAAATTT TACTACTTTT GAGATTGCCC CAATGTACAG AATTATATAA2340  
 TTCTAACGCT TAAATCATGT GAAAGGGTTG CTGCTGTCAG CCTTGCCAC TGTGACTTCA2400  
 AACCCAGGA GGAACCTTG ATCAAGATGC CCAACCCTGT GATCAGAACC TCCAAATACT2460  
 GCCATGAGAA ACTAGAGGGC AGGTGTTTCA AAAAGCCCTT TGAACCCCTT TCCTGCCCTG2520  
 40 TGTTAGGAGA TAGGGATATT GGCCCCCTCAC TGCAGCTGCC AGCACTTGGT CAGTCACTCT2580  
 CAGCCATAGC ACTTTGTTCA CTGTCCTGTG TCAGAGCACT GAGCTCCACC CTTTCTGAG2640  
 AGTTATTACA GCCAGAAAGT GTGGGCTGAA GATGGTTGGT TTCATGTGGG GGTATTATGT2700  
 ACCC 2704

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

10 TTTAGAATTC AGCATAGGTT GAGGTCAGAA AGCAATTCAG GCATGAGCCA CCGTGCCCGG 60  
 CTCACACCC ATTTCTTTAA AAAGGATCCC GTAGCAGGCA GAAAAGCCCC TTCCATCCTG 120  
 CTCCTCTGAT ACTGTGCCCC CTTGGAGATA TTTCCGTCCT CCACCCACGT GTCTGTGGCT 180  
 GGAAGTGGCC AGCCTGCTCC TGGCCCCCTG GAAGCCTCCC CACAGCTGGT AATCTGGACT 240  
 15 TAAGGATTGC TGGGCCACCG CCTCTCTGCC TACCACCATT CCATATTTAA GTGGAGCCCC 300  
 TACGTAGAAA GGCCCCGGGG CTTTATTTTA GTCTCCTTTT CAGGGATGTC GTGGGCGGGG 360  
 GAGGGGGTTC TTGGTGCTAC AGCCCTCTCC CCACCCCTAA AGGGACGCCG ACGCTGTTTG 420  
 CTGCCCTTAC CACATATTAG TGCTTGACCC TGGCAGGGGA CCCCATGGAA AAGATGGGGA 480  
 AGAGCAAAAT ACATGGAGAC GACGCACCCT CCAGGATGCT CGCTGGGATT CCCACGCCA 540  
 20 CCACTGTCCC CCACCCCATG GCTGGGAGGG GCCTCTGAAC GGAACAGTGT CCCACAGAG 600  
 CGAATAAAGC CAAGGCTTCT TCCCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 660  
 AAAAAAGGCG GCCGAAAGTT TTTTCCCTT TAGTAAGGGT TAGTTTTAG TTTGGGGTTG 720  
 GCCTTCGTTT TTAAGAACGT 740

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1876 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 221:

50 CTCTTGATC CCCTGGACCA CTGGGCATAC TCGCCATCCT CTTCCGGAGA TCTGGGCAGT 60  
 TCGCCTGCAT TAGAGCTCCT GATTGAGATT CAGTGCATCA GCCGTGCTAT CCATCACGTC 120  
 CACACCTCTG TGCCCACTCT TGAAGCTGTT GGGAAATATT CAGCAATGTC CGCATCAACT 180  
 TGCAGAAGAA TATAAATGAC ATTTCAAGGA TAGAAGATAC CTGATTTTTT TTCCTTTTAA 240  
 TTTTCTGGT GCCAATTTC AATTCCAAGT TGCTAATACA GCAACAATTT ATGAATTGAA 300  
 55 TTATCTTGGT TGAAAATAAA AAGATCACTT TCTCAGTTT CATAAGTATT ATGTCTCTTC 360



```

5  TGAGCTATTT CATCTATTTT TGGCAGTCTG AATTTTAA ACCCATTTAA ATTTTTTCC 420
   TTACCTTTTT ATTTGCATGT GGATCAACCA TCGCTTTATT GGCTGAGATA TGAACATATT 480
   GTTGAAAGGT AATTTGAGAG AAATATGAAG AACTGAGGAG GAAAAAAAAA AAAAAGAAAA 540
   GAACCAACAA CCTCAACTGC CTACTCCAAA ATGTTGGTCA TTTTATGTTA AGGGAAGAAT 600
10 TCCAGGGTAT GGCCATGGAG TGTACAAGTA TGTGGGCAGA TTTTCAGCAA ACTCTTTTCC 660
   CACTGTTTAA GGAGTTAGTG GATTACTGCC ATTCACCTCA TAATCCAGTA GGATCCAGTG 720
   ATCCTTACAA GTTAGAAAAC ATAATCTTCT GCCTTCTCAT GATCCAACTA ATGCCTTACT 780
   CTCTTGAAA TTTTAACCTA TGATATTTTC TGTGCCTGAA TATTGTTAT GTAGATAACA 840
   AGACCTCAGT GCCTTCCTGT TTTTCACATT TTCCTTTTCA AATAGGGTCT AACTCAGCAA 900
15 CTCGCTTTAG GTCAGCAGCC TCCCTGAAGA CCAAATTAG AATATCCATG ACCTAGTTTT 960
   CCATGCGTGT TTCTGACTCT GAGCTACAGA GTCTGGTGAA GCTCACTTCT GGGCTTCATC1020
   TGGCAACATC TTTATCCGTA GTGGGTATGG TTGACACTAG CCCAATGAAA TGAATTAAG1080
   TGGACCAATA GGGCTGAGCT CTCGTGGGC TGGCAGTCCT GGAAGCCAGC TTTCCCTGCC1140
   TCTCATCAAC TGAATGAGGT CAGCATGTCT ATTCAGCTTC GTTTATTTTC AAGAATAATC1200
20 ACGCTTTCCT GAATCCAAAC TAATCCATCA CCGGGGTGGT TTAGTGGCTC AACATTGTGT1260
   TCCCATTTC GCTGATCAGT GGGCCTCCAA GGAGGGGCTG TAAAATGGAG GCCATTGTGT1320
   GAGCCTATCA GAGTTGCTGC AAACCTGACC CCTGCTCAGT AAAGCACTTG CAACCGTCTG1380
   TTATGCTGTG ACACATGGCC CCTCCCCTG CCAGGAGCTT TGGACCTAAT CCAAGCATCC1440
   CTTTGCCAG AAAGAAGATG GGGGAGGAGG CAGTAATAAA AAGATTGAAG TATTTTGCTG1500
25 GAATAAGTTC AAATCTTCT GAACTCAAAC TGAGGAATTT CACCTGTAAA CCTGAGTCGT1560
   ACAGAAAGCT GCCTGGTATA TCCAAAAGCT TTTTATTCCT CCTGCTCATA TTGTGATTCT1620
   GCCTTTGGGG ACTTTCTTA AACCTCAGT TATGATTTT TTTTCATACA CTTATTGGAA1680
   CTCTGCTTGA TTTTGGCCTC TTCCAGTCTT CCTGACACTT TAATTACCAA CCTGTACCT1740
   ACTTTGACTT TTTGCATTTA AAACAGGACA CGGGGCAGGG AGAAAAGGGT TTTAGTTTTT1800
30 AAACCCGGTG GTTACCATAA CGCGGAAAAA GGTGGCCAT ACGGGGCAAA CGTTTTTGAA1860
   AGGTTAAGGG TATTTT 1876

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 878 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

```

55 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
   GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG 120
   CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG 180
   CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC 240
   GCGCGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG 300

```

```

AGTGCCCGCG CCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG 360
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACCGGTC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC 420
CGGGAGCGCC JGGAGCGGGG CCGCTTTCCT CGTCTTGTA AATGTTTATT TTTAACTCT 480
TCCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG 540
5 CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC 600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTCACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT 660
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGGCTCTGGA 720
GGATTGATAT TTATTTTTCG ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC 780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG 840
10 CAAAAA AAAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

```

GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCGGGG ACATGGGTGT 60
GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGCTT TTGTATTTT TCTCCTCCAA GGAGCTGTGT 120
CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
40 AGGGGCAGAG GCCCCACTGG CCACCCCTG CTTCCCAGAG TGAAACCTTG TGCTGGTGA 240
CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTCCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
CCCTCTCCTC ATTCCCTAGC AAACCCCAAT TATCTTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
CCCTTCCTTT GTAAATATCT CATCTCCAC TGGAGAGCCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
GATGTTCTGT CCACACTTGA GGCTGGGCGG TGTATCAGAC CCTTCAAGCA GCCTGGCTGG 480
45 GGCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCCAC 540
CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCCCC 600
TGGGGGAGGA CCCATTCATG CCAGAAAGCT GGTAACCTCC TCCCAGCATC CCTGCGGAAG 660
GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTTCAA GGCGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCAGTCC 720
CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTACG GCGGGCTGTG 780
50 CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
ATTTCTTTA AAAGCAAGCA CTTTACTAA TTATTATTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTTACTG TTGTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGGC TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG1020
GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCAGC AGGTTCAAGTC1080
55 CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT1140
GTCCCTTCAG CTGGGGGAGG GGCCAGTGA GCTCCACGTG GCTTTTCCC AAAGGGAGCA1200
AGAGGGAAGG ATGGGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCGAAGGAA AACAGGGAGG1260

```

```

AAGTGAGCGG FTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGCG1320
CTTAAGGGAC AGATACATCA CATCCTAAGT TTGGGAAAGG CCTTTGACCC ATGTCATCTG1380
AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CCTTCTCCCC1440
TGGTTTTTGA GGATCCCTGG GTCTTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT1500
5 GGTGTGTGA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCC TATAAACGGC1560
TCTCAGGAGG TTAGTGAGTA GGAGATTCTG CCTTGTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC1620
CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC1680
ACTCCCACTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTTC1740
TCCCACTTTT TTTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC1800
10 AATCCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCCTCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG1860
CCCTTTACCC CAGGTCCAGG CCCTGGAAAT CTGAGACTCG CGTTCTCTTG GCCAGTGGTA1920
ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGTG TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTTGCTC1980
ATTCTTTAG GGAACCTGGG AGTCGGGGTT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTCAAATTC2040
AATGTCGCCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGGCCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG2100
15 AGTCTCAGCG ATAGCCAGG TGAGAAAGTG TTCACCCAGA GGGGCAGGCT GGGGGCCTCG2160
GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCTCTGT CCTCAAATGT CCAAAATGTT GGAGGACCTC2220
TGTTTCATATC CCACGCCTGG GCTCTTGCCA GCAGTGGAGT TACTGTAGAG GGATGTCCA2280
AGCTTGTTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTTGTG2340
TGCCTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TCCCCATTT CTCTCCTCCC2400
20 TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTTC CCACCACCT CCCTGCCTCC2460
CAGGCCCTCT GCGGGGGAAA CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCACCCCA GCTGTGTATT2520
TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580
GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGCGTC2640
CCCCTCCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700
25 AAGTTAAAGA AAACCAAAA

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

```

AGGGGGAGGT GCGAGCGTGG ACCTGGGACG GGTCTGGGCG GCTCTCGGTG GTTGGCACGG 60
GTTCCGACAC CCATTCAAGC GGCAGGACGC ACTTGTCTTA GCAGTTCTCG CTGACCGCGC 120
TAGCTGGTGA GTGTCCCTTC TGTGTGTGGG TCCTAGAGCT CGCGGTCTGG TCTGGTCTGG 180
55 TCCCAGACT GACGCCTGGT CGGTCCCCCT CTTGTCTTAC AGCGGCTTCT ACGCTCCGGC 240
ACTCTGAGTT CATCAGCAA CGCCCTGGCG TCTGTCCTCA CCATGCCTAG CCTTTGGGAC 300
CGCTTCTCGT CGTCGTCCAC CTCCTCTTCG CCCTCGTCCT TGCCCCGAAC TCCCACCCCA 360

```

5 SATCGGCCGC CGCGCTCAGC CTGGGGGTG GCGACCCGGG AGGAGGGGTT TGACCGCTCC 420  
 ACGAGCCTGG AGAGCTCGGA CTGCGAGTCC CTGGACAGCA GCAACAGTGG CTTGGGGCCG 480  
 GAGGAAGACA CGGCTTACCT GGATGGGGTG TCGTTGCCCG ACTTCGAGCT GCTCAGTGAC 540  
 CCTGAGGATG AACACTTGTG TGCCAACCTG ATGCAGCTGC TGCAGGAGAG CCTGGCCCAG 600  
 5 GCGCGGCTGG GCTCTCGACG CCCTGCGCGC CTGCTGATGC CTAGCCAGTT GGTAAAGCCAG 660  
 GTGGGCCAAG AACTACTGCG CCTGGCCTAC AGCGAGCCGT GCGGCCTGCG GGGGGCGCTG 720  
 CTGGACGTCT GCGTGGAGCA GGGCAAGAGC TGCCACAGCG TGGGCCAGCT GGCAGCTCGA 780  
 CCCAGCCTGG TGCCCAOCTT CCAGCTGACC CTCGTGCTGC GCCTGGACTC ACGACTCTGG 840  
 10 CCCAAGATCC AGGGGCTGTT TAGCTCCGCC AACTCTCCCT TCCTCCCTGG CTTCAGCCAG 900  
 TCCTTGACGC TGAGCACTGG CTTCCGAGTC ATCAAGAAGA AGCTGTACAG CTCGGAACAG 960  
 CTGCTCATTTG AGGAGTGTG AACTTCAACC TGAGGGGGCC GACAGTGCCC TCCAAGACAG1020  
 AGACGACTGA ACTTTTGGGG TGGAGACTAG AGGCAGGAGC TGAGGGACTG ATTCTGTGG1080  
 TTGGAAAACCT GAGGCAGCCA CCTAAGGTGG AGGTGGGGGA ATAGTGTTC CCAGGAAGCT1140  
 CATTGAGTTG TGTGCGGGTG GCTGTGCATT GGGGACACAT ACCCCTCAGT ACTGTAGCAT1200  
 15 GAAACAAAGG CTTAGGGGCC AACAAGGCTT CCAGCTGGAT GTGTGTGTAG CATGTACCTT1260  
 ATTATTTTGG TTAGTGACAG TTAACAGTGG TGTGACATCC AGAGAGCAGC TGGGCTGCTC1320  
 CCGCCCAGC CTGGCCCAGG GTGAAGGAAG AGGCACGTGC TCCTCAGAGC AGCCGGAGGG1380  
 AGGGGGGAGG TCGGAGGTG TGGAGGTGGT TTGTGTATCT TACTGGTCTG AAGGGACCAA1440  
 GTGTGTTTGT TGTGTTGTTT GTATCTTGT TTTCTGATCG GAGCATCACT ACTGACCTGT1500  
 20 TGTAGGCAGC TATCTTACAG ACGCATGAAT GTAAGAGTAG GAAGGGGTGG GTGTCAGGGA1560  
 TCACTTGGGA TCTTTGACAC TTGAAAAATT ACACCTGGCA GCTGCGTTTA AGCCTTCCCC1620  
 CATCGTGTAC TGCAGAGTTG AGCTGGCAGG GGAGGGGCTG AGAGGGTGGG GGCTGGAACC1680  
 CCTCCCCGGG AGGAGTGCCA TCTGGGTCTT CCATCTAGAA CTGTTTACAT GAAGATAAGA1740  
 TACTCACTGT TCATGAATAC ACTTGATGTT CAAGTATTAA GACCTATGCA ATATTTTTTA1800  
 25 CTTTTCTAAT AAACATGTTT GTTAAACAA AAAAAAAAAA AAAAA 1845

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 9390 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

50 GGCAATTTCT TTTCCTTTCT AACTGTGGCC CGCGTTGTGC TGTTGCTGGG CAGGCGTTGG 60  
 GCGCCGGCGG TCTTCGAGCG TGGGGGCCCG CTGGCTTTCC CTTCTCAGAA ACTGCGCCGG 120  
 GGGCGCTCGC TTGCCCCGGA TTCGGACGCG GCGCTCCCCG GGCTCGTCTG AAGTGCAGAT 180  
 55 CGCCGCAGAG GCCCCAGTGC CCGGATGTCC ATCAGGATTA GCGCGAGCCA ATACGGGGCCG 240  
 AGCCCGGGGG TGCGCCGAGG ACGCCCGGGG CTCGAGAGCA GGTAGTCCCG TAACATCGGG 300  
 GCGCCGCGCC GGGACGCGTC CCCCCCGGCG TCCGCCAAAT GGTGAGCGCG GCGCTGGCAG 360

CAGGGCCCCC GGGGTGAAGG CGCTCATGGA CGGAAGACCC CTGGCTCTAT AAGCTGAATT 420  
 ATGGCAGCCC AGTCAAGTTT GTACAATGAC GACAGAAACC TGCTTCGAAT TAGAGAGAAG 480  
 GAAAGACGCA ACCAGGAAGC CCACCAAGAG AAAGAGGCAT TTCCTGAAAA GATTCCCCCT 540  
 TTTGGAGAGC CCTACAAGAC AGCAAAAGGT GATGAGCTGT CTAGTCGAAT ACAGAACATG 600  
 5 TTTGGAAACT ACGAAGAAGT GAAGGAGTTC CTTAGTACTA AGTCTCACAC TCATCGCCTG 660  
 GATGCTTCTG AAAATAGGTT GGGAAAGCCG AAATATCCTT TAATTCTCTGA CAAAGGGAGC 720  
 AGCATTCCAT CCAGCTCCTT CCACACTAGT GTCCACCACC AGTCCATTCA CACTCCTGCG 780  
 TCTGGACCAC TTTCTGTTGG CAACATTAGC CACAATCCAA AGATGGCGCA GCCAAGAACT 840  
 GAACCAATGC CAAGTCTCCA TGCCAAAAGC TCGGCCCCAC CGGACAGCCA GCACCTGACC 900  
 10 CAGGATCGCC TTGGTCAGGA GGGGTTCGGC TCTAGTCATC ACAAGAAAGG TGACCGAAGA 960  
 GCTGACGGAG ACCACTGTGC TTCGGTGACA GATTCGGCTC CAGAGAGGGA GCTTTCTCCC1020  
 TTAATCTCTT TGCCTTCCCC AGTTCCTCCTT TTGTCACCTA TACATTCCAA CCAGCAAAC1080  
 CTTCCCCGGA CGCAAGGAAG CAGCAAGGTT CATGGCAGCA GCAATAACAG TAAAGGCTAT1140  
 TGCCACGCCA AATCTCCCAA GGACCTAGCA GTGAAAGTCC ATGATAAAGA GACCCCTCAA1200  
 15 GACAGTTTGG TGGCCCCCTGC CCAGCCGCCT TCTCAGACAT TTCCACCTCC CTCCCTCCCC1260  
 TCAAAAAGTG TTGCAATGCA GCAGAAGCCC ACGGCTTATG TCCGGCCCAT GGATGGTCAA1320  
 GATCAGGCCC CTAGTGAATC CCCTGAAGTG AAACCACTGC CGGAGGACTA TCGACAGCAG1380  
 ACCTTTGAAA AAACAGACTT GAAAGTGCCT GCCAAAGCCA AGCTCACCAA ACTGAAGATG1440  
 CCTTCTCAGT CAGTTGAGCA GACCTACTCC AATGAAGTCC ATTGTGTTGA AGAGATTCTG1500  
 20 AAGGAAATGA CCCATTCATG GCCGCCTCCT TTGACAGCAA TACATACGCC TAGTACAGCT1560  
 GAGCCATCCA AGTTTCCTTT CCCTACAAAG GACTCTCAGC ATGTCAAGTC TGTAACCCAA1620  
 AACCAAAAAC AATATGATAC ATCTTCAAAA ATCTACTCAA ATTCTCAGCA AGGAACGTCA1680  
 TCCATGCTCG AAGACGACCT TCAGCTCAGT GACAGTGAGG ACAGTGACAG TGAACAAACC1740  
 CCAGAGAAGC CTCCCTCCTC ATCTGCACCT CCAAGTGCTC CACAGTCCCT TCCAGAACCA1800  
 25 GTGGCATCAG CACATTCCAG CAGTGCAGAG TCAGAAAGCA CCAGTGACTC AGACAGTTCC1860  
 TCAGACTCAG AGAGCGAGAG CAGTTCAAGT GACAGCGAAG AAAATGAGCC CCTAGAAACC1920  
 CCAGCTCCGG AGCCTGAGCC TCCAACAACA AACAAATGGC AGCTGGACAA CTGGCTGACC1980  
 AAAGTCAGCC AGCCAGCTGC GCCACCAGAG GGCCCCAGGA GCACAGAGCC CCCACGGCGG2040  
 CACCCAGAGA GTAAGGGCAG CAGCGACAGT GCCACGAGTC AGGAGCATT TGAATCCAAA2100  
 30 GATCCTCCCC CTAAAAGCTC CAGCAAAGCC CCCCAGGCCC CACCCGAAGC CCCCCAGCCC2160  
 GGAAAGAGGA GCTGTCAGAA GTCTCCGGCA CAGCAGGAGC CCCCACAAAG GCAAACCGTT2220  
 GGAACCAAAC AACCCAAAAA ACCTGTCAAG GCCTCTGCCC GGGCAGGTTT ACGGACCAGC2280  
 CTGCAGGGGG AAAGGGAGCC AGGGCTTCTT CCCTATGGCT CCCGAGACCA GACTTCCAAA2340  
 GACAAGCCCA AGGTGAAGAC GAAAGGACGG CCCCAGGCGG CAGCAAGCAA CGAACCCAA2400  
 35 CCAGCAGTGC CCCCCTCCAG TGAGAAGAAG AAGCACAAGA GCTCCCTCCC TGCCCCCTCT2460  
 AAGGCTCTCT CAGGCCCCAGA ACCCGCGAAG GCAATGTGG AGGACAGGAC CCCTGAGCAG2520  
 TTTGCTCTTG TTCCCTGAC TGAGAGCCAG GGCCACCCC ACAGTGGCAG CGGCAGCAGG2580  
 ACTAGTGGCT GCCGCCAAGC CGTGGTGGTC CAGGAGGACA GCCGCAAGA CAGACTCCCA2640  
 TTGCCCTTGA GAGACACCAA GCTGCTCTCA CCGCTCAGGG AACTCCTCC CCCACAAAGC2700  
 40 TTGATGGTGA AGATCACCTT AGACCTGCTC TCTCGGATAC CCCAGCCTCC CGGGAAGGGG2760  
 AGCCGCCAGA GGAAAGCAGA AGATAAACAG CCGCCCGCAG GGAAGAAGCA CAGCTCTGAG2820  
 AAGAGGAGCT CAGACAGCTC AAGCAAGTTG GCCAAAAAGA GAAAGGGTGA AGCAGAAAGA2880  
 GACTGTGATA ACAAGAAAAT CAGACTGGAG AAGGAAATCA AATCACAGTC ATCTTCACT2940  
 TCATCTCTCC ACAAGAATC TTCTAAAACA AAGCCCTCCA GGCCCTCCTC ACAGTCTCA3000  
 45 AAGAAGGAAA TGCTCCCCC GCCACCCGTG TCCTCGTCTT CCCAGAAGCC AGCCAAGCCT3060  
 GCACTTAAGA GGTCAAGGCG GGAAGCAGAC ACCTGTGGCC AGGACCCTCC CAAAAGTGCC3120  
 AGCAGTACCA AGAGCAACCA CAAAGACTCT TCCATTCCCA AGCAGAGAAG AGTAGAGGGG3180  
 AAGGGTCCA GAAGCTCCTC GGAGCACAAG GGTTCTTCCG GAGATACTGC AAATCCTTTT3240  
 CCAGTGCCCT CTTTGCCAAA TGGTAACTCT AAACCAGGGA AGCCTCAAGT GAAGTTTGAC3300  
 50 AAACAACAAG CAGACCTTCA CATGAGGGAG GCAAAAAAGA TGAAGCAGAA AGCAGAGTTA3360  
 ATGACGGACA GGGTTGGAAA GGCTTTTAAG TACCTGGAAG CCGTCTTGTC CTTTATTGAG3420  
 TGCGGAATTG CCACAGAGTC TGAAAGCCAG TCATCCAAGT CAGCTTACTC TGTCTACTCA3480  
 GAAACTGTAG ATCTCATTA AATCATAATG TCATTAATAA CTTTCTCAGA TGCCACAGCG3540  
 CCAACACAAG AGAAAATATT TGCTGTTTTA TGCATGCGTT GCCAGTCCAT TTTGAACATG3600  
 55 GCGATGTTTC GTTGTAAAAA AGACATAGCA ATAAAGTATT CTCGTACTCT TAATAAACAC3660  
 TTCGAGAGTT CTTCCAAAGT CGCCCAGGCA CTTTCTCCAT GCATTGCAAG CACAGGCACA3720  
 CCATCCCCCT TTTCCCCAAT GCCTTCTCCT GCCAGCTCCG TAGGGTCCCA GTCAGTGCT3780  
 GGCAGTGTGG GGAGCAGTGG GGTGGCTGCG ACTATCAGCA CATGTTCTTA CCGCCTTTGA CCTTTGGGAA3900  
 60 ATGACATCTT CCTATGTAC CATCACATCC CATGTTCTTA CCGCCTTTGA CCTTTGGGAA3900  
 CAGGCCGAGG CCCTCACAGG GAAGAATAAA GAATTCCTTG CTCGGCTCAG CACAAATGTG3960  
 TGCACCTTGG CCCTCAACAG CAGTTTGGTG GACCTGGTGC ACTATACAG ACAGGGTTT4020  
 CAGCAGCTAC AAGAATTAAC CAAAACACCT TAATGGAGCC CCAGGTTGAT TCAATGCCTT4080  
 GGGAACTATT TTTGCACATT GGAAGCCTCA AAAACAGTCC AGACGTTTGT TTCATCAGGA4140

5 CACCAAACCTC TAAAAAGAA GCACCACGAG ATGGCCAGGA CATTGTGCTCA CTAAACTCT4200  
CAACAACAGT GTGATCATTG GTTGGACACT GTGGTTATGC AGAAGCAGAG ATGAGGAGGC4260  
TGGCCCCAGA GATGATCTTG CCCTTCCTAA CTAAAGGACA GAAGTGCAAT TTAGCTTAAA4320  
TGGGTGTATG AATGGTCTAG AAACATTCTT ATTTTTTTTT TAAACCAGCA GGATACAAGT4380  
TGCAAATGAA ATGAGGAGAA ACAGTTTCAA CTCTGAAAGT GAATTTACAG TCATCTCAGT4440  
AGCCACGCTA GTCCATTCCC AGAAGGAAAT TTTTTTTTTT AACAACTGACT TTTGGTAAAG4500  
GGTTTTGTGG ATGATTTTTT TTCTTTTGAG TTTTGGGAGA AATATTTGTT TAATAACTTC4560  
TAATGGCCAT CTGTAAACCA TAAGTAATGA AGGACTCCAC TGTGCCCCAC TTTCTGCCAA4620  
TGAACAGTGG CTTGATAATA CCAAGTATTG TTGTAATTTA TAAAATTGAA GGCAACCCCC4680  
10 GCTCCTGCCG CCCCCATCT CCCCATTGCC TAGAGCGCTG CACATTGACC CCAGCTCTGA4740  
CTTCTCATTA CTGTGCTGAA AGTCAGCCCA CGTCGGAGCG GTGAGGAGGA GCCACAGCAC4800  
ATGGGGTGCC ACCTCGAGGT CTGCACAGGA GGACTTGGCG CTGCCATTTC CTACCCCTGC4860  
CATTTCCAC CCCTGCTTCA GCGAAAGGGA CTCTCTAACA GGGCAGTCAC TGTGACTCT4920  
ATTCTGAATT TCCTCCCTTG GGAAGAAGG GAACCAACAT TTATACCTGA CCAGATGGCT4980  
15 AAAGTGCTTT TAAAGTTTGG TTTAAGTAGA GCTGGAATTT GAGGTGCTGA TCTGTGGTCT5040  
ACAGTTATGT GGTAACCTCAT GTTGTCCAGC CAACTCAGAG TTTCGTCAGT GAACAAGAAA5100  
CATGAAATCT GCTTCTTAGA GAGGCTATAT TTTTCTGCTA CAAATATTTT ATATTTATAG5160  
CAAACTAGA CTTTCAGAGT CTTTGATTGT CTAGGGGAAG TTAACCTCCCT GAGAGGATGT5220  
AGAGATTTGG GGTGGTTGAT TAGACTTTTG AAAAATCAT CACCACATGC CTTCACTCCA5280  
20 GAGTGTCTC AGCTAGATTT GATTTGGTTG AGGAGGAACT GTGGCCCTCC GTAAGTTATT5340  
GCCATAGTGT ATGCATTAAA CCAAGTCCAT TTTGAATGAC CTAAAATGAA GTAACACAAT5400  
CAGAAATCCC ATGTGCCCAT AAGCACAGAT TTTTCTTTT CATTGAAACT TTAAAGGTTA5460  
TTATTGGAAA CATTACTTTG AGTGCAGTGT TTTTAAAAGC CAATTCCTTT TTATCCCTTT5520  
TAGAAGTAGA ATTTGCACAC TTAATAAAGT TGAGGAGTGT CATCTCTATA ACTTTTCTC5580  
25 CGCCTTTGTC CCATTCTGCC CCTGGACATG TTTCTACCA AGCATGTTT ACATTTCTC5640  
ATTAGTGGAG GAGGGAGAAC CATATTTATT TATAATGAAG ACATCTAAGA TCCCTATGAT5700  
GAATGCAGGA ACTCTCTTGG TAGTTTGTA ATACACAAAG GGATGTGTCG AGGGATGGGA5760  
GCGATGCTTA TCTCTCACAG TGTGAGTGGT CTGTGTGAGG CTGTTCTTC AGTTCTTCTC5820  
CAGACTGTTT TTTGGTTGTC ACTTAAGTCA GAGGTCTGGT CCTCATGTT TAGGTGAAAG5880  
30 CCAGAGAATG ACAGCTGTAG TCATATCTGA GCATAAGACC TTGATGTGTG ATTCCTGATG5940  
ACCGGTTTCA TTTATTCATG TAATAAAGCA AAGGCCCTGG TCCTTTTTTA ACTACTAGTT6000  
TTAAAAACCT GTGTAAATG AACAGTAATT GCCTGGTAGG TTTGGTGTGT GTGTAGCAT6060  
GTGTGTCCAT CTGTATATG TAAAGGACAA GGCACCAGAA TCAGGCTTTA TTTCGATATT6120  
GAAGATGTTA TTTAATCAT CTCTTTTTT TTTACTCCCT TAGCCATCCC CTCCCCCTTT6180  
35 GTCCTATCAT TCCCTAGAAC AAGCCACCTG CTAATTGTGA AGGGTTGTGT TCTTTATGGC6240  
AGGTTCTATG CAGATTGTGC CAGAGCATGT GCGTGTCTG TTGGCAAGCC ACAGTGCTCC6300  
CTTGACTGAA GACATTTCCA GGTAGATTTT TCAGCCAGCT CTAAAACAGA TTGCTTTTTT6360  
AGTGGCCTTA CTCTTTGTGG GTTTTTTTTT TTCTCTGAAC TTGATATAAA GATTTTATTT6420  
GTCCCTTGAA AAAGTAACAA ATGTGCATAG ATCAATTTGT ACTACTTTGG TCATTGGATA6480  
40 TTTCTGATCC TTATTGCATT GTACCTAAAG GAGAGTAACT AATGGTAACC TTTTAAATAG6540  
AGTATGTGAA AGGTAGTGGC TGATGAATCC TTAACGTTC TAGGGTCTTT TTGCTGTAC6600  
GGTTGTATAT AGAGGTCTGA AGGATTTTGA AAATGATTTG CACTTTTTCA CTGCATGCTT6660  
ACAATCCCCA AAGGCAAAAT CTGTACTGAG GTAGATCATT TGAAAGGGCT AGATTATAAA6720  
ATTAAGCCTT AGAGTATGGA AAGTTCTTAT AACAATAATA GTACACACTT CAGAGTAAGA6780  
45 CAAATGCAAA GCATCTTAAG GAGTGAATAT AGAGTCTAAA TCTTGCTTTT GGCACACAA6840  
GGTGTGTGTG TGTGTGTGTG TTGTGTGTCT TTAGTAGGAA ATGGAAGAAC ACTGTTTTAT6900  
TTTTTAAAGT GTTTAATGTT TCTGTCTTT CTGTGAATTA TTGAATTTAA GAGCCCTGCT6960  
AAATAATGAA AAAACACTTT ACTAAAATTT ATCAAATTT ACTGGGTTTCG GATTGTGAAA7020  
ACATTGGCCA CCTAGTAGCA GTGGTGAGGA GTGGGAGGGC CCAGCAAGCA TTTATCAGAA7080  
50 ATAGAATCAC AATAGGAGGA GAATTTGGCT GTCTGATATT ATGATTTGAT TACAATACTG7140  
AATGGGAAAA GATCTAATA TTTTGTAAAC AAAAGACCTT CATATTATCT GTTTTGACCA7200  
AAATATGTAG CTATTTCCCT TACACAGATT GGACCGCACT TATCTCCCTT GTCCTGTATC7260  
CTTTAATTTT AGGTCTCAGG ATGTTTAGAA AGCTAAAACC CCTACCCCT TTCTGGCTGA7320  
AACTTGCCT TATTTGGTAT CTACACATT AATGTTACTA GCATCAGGAG CTTACTGTTT7380  
55 TATTATGATT CATCTTCAGT AATTTTTAGA AGCAAGAAGA AAGCCATTGT GTCCTCTACA7440  
ATTAACAAAA CTTATCTCTG ATATACAAAG GGATATAAAT ATATACACTT AAATAGAGAA7500  
AAAGAGGTTG ATTGAATTGT GCCTTTGAGT GAACCCAGTT TTTAAATACC GCTGTGTTT7560  
TTTCGCCATG GCTTCAGGGA TGCTACATGG CTCTTGACCC TTTTACTCCT CTGCTTTATG7620  
AAGTTTGAGT TGTATTTGTG CATCTTAAAG TAGGTTGAGG CTGAGGCTG GGCTTTCCGG7680  
60 TTTTGTGTT TTTTGTGTTG TTTTGTGTTG TTTTGTGTTT TTGTACTTAA ACCTGCTTGC7740  
TTCTTACCAC AGATTCTTTA TTTTCCCAA CACTACAAA AACTTTTTAA AACTTTGCCA7800  
TTTCATCTGT TTACACTCTT TGCCACTGAT TAGCAGTATT TAAATCTTGC AAGAATATTT7860  
TGTGCTTTCT TTAGAAACAC AAGAGTATAG ATTTTCTCA CTGAAAAGTG AGAGTTACGC7920

```

ATTGCAGCCA TGAAGGGATG CTAGGATCAA TTATGGCAGT ACCTTTTTTC CCCTCCTGTT7980
CTTGAGCCAG TTGTCTCTTT TGTTTTGGGT CCCACTTAGG ATTAACGGAT GTAAGGTATT8040
TTCTGTGCC TTTATTTTGT GTCATTCTAT TGGAGGAGG TGTAAACGGCA GAATAGCATC8100
GTGTTGGGGG TTTTCCTTCA AACACTGCAA GTGATATTGC CACCATGTGA ACCTCAAATA8160
5 TGCAATCCAG TTGTGTTGGT TTCTCGGTGA CTTGGAGTGT TCATCTCTTC ATGAATTGTG8220
AGCACTGACC ATGTTCTTCA GTTCTTAATT ATGGTGAGTT GACAAATACC AACTACTGCT8280
TTTCTTTAGG TGGCTATAAA TTTCTTACTG TCAGGAGGAA ATGACATTAT ATTCTGTTCC8340
ACTGAACGTC AGAGATCAGC AGGCACTGTA CTGGGTAGAG AAGTGCCTAT ACTTCTCTAC8400
CTAAGAGGGC AGGAGGGGAA CCCTACAGCT CTTGTGAGC CTATATATTA GTATATCGGC8460
10 CTGGAGAGGA CAAAGGGAATA AGACCACTCA TAGTGAGGCT GGCCAAGCTG CACTGGTCGG8520
ACCAGGCAGT GGCTGACCTA AGGAAGGCAA CTTGCTTTGC TTAAAAGTAG ATTTTTTAAG8580
CAATGCTTAA CACAGGCAGC ATTCACCTTT GTTCAGGCCA TCGACATGTA TTGTTAAAT8640
TACTGCATAT CCCCTCAGA TATCAAGTAT ACACTGTTCA TGTGGGGTT GTGTGTGT8700
ATGTGTGTAT GTACGCACGC ATGTGTCCCA AATCTTGTTT TAATTTTTTT TTTCTGAAT8760
15 TGATCATGTT TTGGATAATA CCTGAGCAGG GTTGCCCTTT TTTTATTTAT TACCATTATA8820
TATTATATTA TATTATATAT TTTTGTCTTT CTTATAACTT TGGAGGAAAG TCAAACTCTG8880
GTATTATTAA AATTGTTTTA AAAAGGAGTA AATTTTCCAG TTGATAAATG AAAATCACTG8940
GCCTATGTTT AATAAGTTTT TCTTTAATTA CTGTGGAATA ACGTGCCAGC TATCATCAAC9000
ACAATGATTT TGTACATAGG GTAGGGAAGC AGTGATGCTC TCAATGGGAA GATGTGCAAC9060
20 ACAAATTAAG GGGAACTCCA TGTATTTTAC CTACTTCAGC AATGGAAGT CAACTTGGGG9120
CTTTGTGAAT AAAATTTAGC TGCCTTGAT AGTCGTTTGA AAGAATATGT GATCTGTGAG9180
AGAATTATAG TTTTTTTTGA GAAGAAAAAT CTGCAAAAGA TCTTTCCAAA GACAATGTGC9240
CACAGATCTT TTGTTCTCTG TAATGAGGAT TAATTGCTGT TTAACAAAA ATGTAATTGT9300
TCATCTTTAA ATTCTTTCTT TTTTATAAGA GGATCAAGCT GTAAAAAAC AAAAAAATTA9360
25 ATAAAAATTT CGAGAAATCA AAAAAAATAA
9390

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1268 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

```

CTCGCCCTTT GTCCGCCCAA GCCTTAATCC GCCGCTCTTG GGGAAACTTG TCACCCCTCA 60
GAGTTCCGGT TCCGGAATTT CTCGGGTCGA ATTACACCAT CTAATAAATT CGCCGGCCGC 120
GTCAACTGTA ATACGACTCA TTTAGGCCAA AACTTTTTTT CTTTCTTGTG TTTTTTATTC 180
55 TTACATGATT TGCTAATTGC TTTATTCAGA AGAGACCCCC CGGAGTACAG CTTCTTTGGT 240
TAAGCACGGA GTTGAGGTGG AGGAGAGCAG TAGAAGGCTG GAAATCTGCT GGATGTCTCA 300
TTCTGGGTGG GTATAGAAGG GCTCCTGCCT GGCCTCTAGG ATGGGTGAGG GATGCTTTCT 360

```

```

3CATGGCCAA GGAACCTGGT TAGGGTAGGG AGGGAGGGTA TGAGAGAGGG AAATTCAGCA 420
CTGGGTGGAA GGTTCAGG GAAGAGGGGA CTCAGCAACG AGGGGTGCTC CCTCTGCAGT 480
GTTTATTGGA ATAGTACTGG TACTTTTTAT TGTAGGTCGT CTTGTTTCTA GCAAAACAGG 540
TGGCAGCAGC CTTATCACAC TCACACAGTT GACTTCTGCA GGAGTCTGT TTTGCACAGG 600
5  TGATTCTGCT CCCCGAGTTG CTAACCTGT AGCTCAGAAA TTTGGTGCCA CATCCACGTT 660
TCTCCAGACG TTTGTAGCAA CAGTCATGAG TGACACAGCA GCGATCCGTT GCATCCTTGG 720
GGGATCCTCT GCCACCCACG CCACAGTGGC AGCCGTAGAA GCCATAACTG AGTGCGGCTT 780
CCTTCTCTGT CGTCAACTTG ATCATCTCTG GGAATTCAC CAAATTCCTA TGGGCTGCA 840
GTAGGCCAAA GATCATGATC ACTGCCAACA GTAGGAGGGT CTTCATGGTA AGAGTTCTTG 900
10 GGTGACAAAT GCAGATGGAC TGGCCTAGCT CCTCTGCTGG GTGGTCTCAA CTTCTGCCCC 960
GGCCGTCGCT CCCCTGCTCC TCCTTGGTGG CTCTCTCAGA GGAATCCAGA GTTGTATCCC1020
CAGGCCGTCT TGTGTTTCT GCACCTCTGC TCCCCTTAAA TAGCTGCTCC CTCTGGGAGG1080
TTGGGGGTAG GTGAGGCACA AGGCTGGGGA TGGGCGTGGT CAGTTGGTGG ACTCAGGATT1140
GGTCGCCCAT ACCCCTAGGT AATCCCTTTC CTTCCCCTCA TCAGCTGGCA GGACAGAGTT1200
15 GAGGATTGGG AAACCTTACG TGTCACTAGC TGATGCCAAA ACACATTTCA GGCAGTTT1260
CAGTCTTT 1268

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1417 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

```

ACAACGTAAG AGAGGAGCCT GGCTCTCAAT TTAATTGTTT ATATTCTTGC GATGAGATGG 60
ACTTGAGGGA GCTAAGAGCA TAGCTAGAAA TACAGATAAT TCCACAGCAC ATCTCTAGCA 120
45 AATTTAGCCT ATTCCTATT TCTAGCCTAT TCCTTACCAC CTGTAATCTT GACCATATAC 180
CTTGAGTTG AATATTGTTT TCATACTGCT GTGGTTTGAA TGTCCCTCC AACACTCATG 240
TTGAGACTTA ATCCCTAATG TGGCAATACT GAAAGGTGGG GCCTTTGAGA TGTGATTGGA 300
TTAATGGGTT ATCAGAGGAA TGGGACTGGT GGCTTTATAA GAAGAGGAAA AGAGAACTGA 360
GCTAGCATGC CCAGCCACA GAGAGCCTCC ACTAGAGTGA TGCTAAGTGG AAATGTGAGG 420
50 TGCAGCTGCC ACAGAGGGCC CCCACCAGGG AAATGTCTAG TGTCTAGTGG ATCCAGGCCA 480
CAGGAGAGAG TGCTTGTGG AGCGCTGGGA GCAGGACCTG ACCACCACCA GGACCCAGA 540
ACTGTGGAGT CAGTGGCAGC ATGCAGCGCC CCGCTTGGGA AGAGCTTTAG GCACAGCCT 600
GCAACCCAGT TCGAGCAGCC ACGTAGGCTC CACCCAGCAA AGCCACAGGC ACGGGGCTAC 660
CTGAGGCCCT GGGGGCCCAA TCCCTGCTCC AGTGTGTCCG TGAGGCAGCA CACGAAGTCA 720
55 AAAGAGATTA TTCTCTCCC ACAGATACCT TTTCTCTCCC ATGACCCTTT AACAGCATCT 780
GCTTCATTCC CCTCACCTTC CCAGGCTGTT TTTTTTTTTT TTTTGTATG CTCAAACACA 840
GCTTTTATTT TACTTCAAAG TTTACCTCAG ATCAGCCTGG GAAGGTGAGG GGAATGAAGC 900

```



AGATGCTGTT AAAGGGTCAT GGGAGAGAAA AGGTATCTGT GGGGAAGAGAA TAATCTCTTT 960  
 TGA CTTCGTG TGCTGCCTCA CGGACACACT GGAGCAGGGA TTGGGCCCCC AAGGCCTCAG1020  
 GTAGCCCCGT GCCTGTGGCT TTGCTGGGTG CAGCCTACGT GGCTGCTCGA ATGGGTTGCA1080  
 GGCTGGTGCC TAAAGCTTTC CCAAGGGGGC GCTGCATGCT GCCACTGACT CCACAGTTCT1140  
 5 GGGGTCCTGG TGGTGGTCAG GTCCTGTCTCC CAGCGCTCCA CAAGGCACTC TCTCTGTGG1200  
 CCTGGATCCA CTAGACACTA GACATTTCCC TGGTGGGGGC CCTCTGTGGC AGCTGCACCT1260  
 CACATTTCCA CTTAGCATCA CTCTAGTGA GGTCTCTGT GGGCTGGGCA TGCTAGCTCA1320  
 GTTCTCTTTT CCTCTCTTA TAAAGCCACC AGTCCCATTC CTGTTGATAA CCCATTAATC1380  
 CCATTAACCC CATGCAATGC AAGGCCACAG CCTTCAC 1417

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2677 Basenpaare  
 15 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 20 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

35

CTGGAAGCCT GGAATCCCTT CCTGGACCCC TTTTGAAGCC CCAGGTTCCG GCTTGTGGAC 60  
 ACAGGGACAA GTCCCCCTCT TCAGCATGTG CCCCCCTCAT CTCTGGTTGA GGTCTCATCC 120  
 GACAACCAAG CCCAGGAGAA GCCAAGGGAT GTATCATCTG TTGAACTCTT AATGAATAAT 180  
 CATCAAGGCA TCAAAGCTGA AATTGATGCA CGTAATGACA GTTTCACAAC CTGCATTGAA 240  
 40 CTTGGGAAAT CCCTGTTGGN CGAGAAAACA CTATGCATCT GAGGAGATCA AGGAAAAATT 300  
 ACTGCAGNTT GACGGAAAAG AGGAAAGAAA TGATCGACAA GTGGGAAGAC CGATGGGAAT 360  
 GGTTAAGACT GATTCTGGAG GTCCATCAGT TCTCAAGAGA CGCCAGTGTG GNCCGAGGCC 420  
 TGGCTGCTTG GACAGGAGCC GTACCTATCC AGCCGAGAGA TAGGCCAGAG CGTGGACGAG 480  
 GTGGAGAAGC TCATCAAGCG CCACGAGGCA TTTGAAAAGT CTGCAGCAAC CTGGGNATGA 540  
 45 GAGGTTCTCT GCCCTGGNAA AGGCNTGACT ACATTGGAGT TACTGGNAAG NTGCGCAGAC 600  
 AGCAAGAGGA AGAGGAGAGG NAAGAGGCNG GCCGCCTTCT CCCGAGCCGA GCACGAAGGT 660  
 TTCAGAGGAA GCCGAGTCCC AGCAGCAGTG GGATACTTCA AAAGGNNAGA ACAAGTTTCC 720  
 CAAAACGGNT TTGNCCAGCT' NGAANCAGGG ATNCTNCCAC GGATGGCAGA AACGGTGGAC 780  
 ACAANGCGAA ATGGTCAACG GCGCTACAGA ACAAAGGACG NAGCTCTAAA GAGTCCAGCC 840  
 50 CCATCCCCTC CCCGACCTCT GATCNGTAAA GCCAAGACTG CCCTCCCAGC CCAGAGTGCC 900  
 GCCACCTTAC CAGCCAGAAC CCAGGAGACA CCTTCGGCCC AGATGGAANG GCTTCTCTCA 960  
 TCGGAAACAC GAGTGGGAGG CCCACNAATA AGAAANGCCT CAAGCAGGTC CTNGGCACAA1020  
 TGTTTATTGT GTCATAAATA ACCAAGAAAT NGGGTTTCTA CAAAGATGCN AAAGACTGCT1080  
 GCTTCTGGAA TTCCCTACCA CAGCGAGGTC CCTGTGANGT TTGAAAGAAG CTGTCTGCGA1140  
 55 AGTGGCCCTT GATTACAAA AGAAGANAAC ACGTATTCAA GCTAAGACTA AANTGATGGC1200  
 AATGAGTACC TCTTCCAAGC CAAAGACGAT GAGGAAATGA ACACATGGAT CCAGGCTATC1260  
 TCTTCCGCCA TCTCCTCTGA TAAACACGAG GTGTCTGCCA GCACCCAGAG CACGCCAGCA1320

TCCAGCCGCG CGCAGACCCT CCCCACCAGC GTCGTCACCA TCACCAGCGA GTCCAGTCCC1380  
 GGCAAGCGGG AAAAGGACAA AGAGAAAGAC AAAGAGAAGC GGTTACGCCT TTTTGGCAAA1440  
 AAGAAATGAA CTCCTTTCCT TCACCTCCTG CCTTCTCTT ACCTTTTCAN GTGAAATTC1500  
 AGCATGCAAG CTNCAGAANC CAACACATTA CTCNTCTGTG CCTAATNGTT CCTCAATGTG1560  
 5 GTTGATTNT TTTTTTTTTT TAATTTATAG AGCATTTTCGN GGGGGGNGTN GGGGGAAACA1620  
 CACCTAAACA CTTTATCTCC AAGTTNACAA AAGTTTGAGG TNGCAGAGGG AANGGCCAGA1680  
 TTTNTTTTTT TNAATGNAAA TTATATNAGA TTAGATCTCA GTATTTNAAA CTGTTCTCA1740  
 ATTTTGTGAG GCTGTGTTGG AAATAACCCG CCTCTAGTGC TGTGGTATG CAAGGCAGCN1800  
 GGTGCTTAAT CAATATTTNC CTGTGCTCAC CAGAGGCAAA ATGTACCAAT ATCCTGACAC1860  
 10 CATTCTCTCT CCATTTACTT CTGGNNTGGT TACCCTGACT CTGACTCTT AGNAANGTGC1920  
 CCGAGATGGG GNCTAACCTT TATTAAACAG ATCGCATATT ATGATCNTTN GCTGCAGCCA1980  
 CAGTGCAGCT CCACATTAC TCTACAGNAC CAAACCATT GTATCTGGNC ATCANTTAC2040  
 TAACACACGA CNATGCGGNC TTTTCTNGCA TCAACTNGCT ATGACGGTTA AGAANTGTCA2100  
 GTATAACAAG AGGNAATAGA AACTGATAC TGNTTTTNA ATAATCTNGT AANTTTCAAT2160  
 15 TTTTTNTTT TTTTTTTGNC TNGAAATANC ATTATATTGT ACNGTTTGAG ATAANTTCTA2220  
 GTACAAANGT ATNAATNAAA ANCTAGATGT ANTAANNTAA ACCCNTTTNA AATCNATTNG2280  
 GTAANGTGN ACAANGTGGT GGAANCTGAA GCNNATTTAC NTGGACAANA GTAATGTTAN2340  
 CTNCTAATGG TTAATTGCNT CNGTGCGTTG CCNACACTGT NGTTATAATT TGCTTCATTT2400  
 CCTTGCTATT TGATACATAG TGTGNCATTT CTCTGTCACT GTAACATTG TAATGACAAA2460  
 20 TTTTCATCTT ACTGCNACAA TCNAAAATGA CNATTGATAG GAATGAATC CAGAGGCTGG2520  
 GCCTNGAACA GGGAGGTGGT CGCTNCAGGC CTGGNTGCNT CAGTCGTACG ACCTGTACCT2580  
 CTNCAACTTT TGNCCCTATC TGTTNAAATA TATNGCNTAT GTCANTTNA ATGCTTTTNA2640  
 AATCNTAAAA AAAAAA AAAA AAAAAA AAAAAA 2677

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2242 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

50 AGCCCCCTGC CCCTCGCCGC CCCCCGCCGC CTGCCTGGGC CGGGCCGAGG ATGCGGCGCA 60  
 GCGCCTCGGC GGCCAGGCTT GCTCCCTCC GGCACGCCTG CTAACCTCCC CCGCTACGTC 120  
 CCCGTTCCGC CGCCGGGCCG CCCCGTCTCC CCGCGGCCTC CGGGTCCGGG TCCTCCAGGA 180  
 CGGCCAGGCC GTGCCGCGT GTGCCCTCCG CCGCTCGCCC GCGCGCCGCG CGTCCCCGC 240  
 CTGCGCCAG CGCCCCGCG CCGCGCCCCA GTCCTCGGGC GGTCCATGCT GCCCTCTGC 300  
 55 CTGCTGGCCG CCCTGCTGCT GGCCGCCGGG CCCGGGCCGA GCCTGGGCGA CGAAGCCATC 360  
 CACTGCCGCG CCTGCTCCGA GGAGAAGCTG GCGCGCTGCC GCCCCCCGT GGGCTGCGAG 420  
 GAGCTGGTGC GAGAGCCGGG CTGCGGCTGT TGCGCCACTT GCGCCCTGGG CTTGGGGATG 480

```

5  CCCTGCGGGG TGTACACCCC CCGTTGCGGC TCGGGCCTGC GCTGCTACCC GCGGCGAGGG 540
   GTGGAGAAGC CCCTGCACAC ACTGATGCAC GGGCAAGGCG TGTGCATGGA GCTGGCGGAG 600
   ATCGAGGCCA TCCAGGAAAG CCTGCAGCCC TCTGACAAGG ACGAGGGTGA CCACCCCAAC 660
   AACAGCTTCA GCGCCTGTAG CGCCCATGAC CGCAGTGCCT GCAGAAGCAC TTCGCCAAAA 720
   TTCGAGACCG GAGCACCAGT GGGGGCAAGA TGAAGGTCAA TGGGGCGCCC CGGGAGGATG 780
   CCGGCTTACA GAGCCGCACC CACGAGGACC TCTACATCAT CCCCATCCCC AACTGCGACC 900
   GCAACGGCAA CTTCCACCCC AAGCAGTGTC ACCCAGTCTT GGATGGGCAG CGTGGCAAGT 960
   GCTGGTGTGT GGACCGGAAG ACGGGGGTGA AGCTTCCGGG GGGCCTGGAG CCAAAGGGGG1020
10 AGCTGGACTG CCACCAGCTG GCTGACAGCT TTCGAGAGTG AGGCCTGCCA GCAGGCCAGG1080
   GACTCAGCGT CCCCTGCTAC TCCTGTGCTC TGGAGGCTGC AGAGCTGACC CAGAGTGGAG1140
   TCTGAGTCTG AGTCCTGTCT CTGCCTGCGG CCCAGAAGTT TCCCTCAAAT GCGCGTGTGC1200
   ACGTGTGCGT GTGCGTGCCT GTGTGTGTGT TTGTGAGCAT GGGTGTGCCC TTGGGGTAAG1260
   CCAGAGCCCTG GGGTGTCTC TTTGGTGTTA CACAGCCCAA GAGGACTGAG ACTGGCACTT1320
15 AGCCCAAGAG GTCTGAGCCC TGGTGTGTTT CCAGATCGAT CCTGGATTCA CTCACTCACT1380
   CATTCTTTCA CTCATCCAGC CACCTAAAAA CATTTACTGA CCATGTACTA CGTGCCAGCT1440
   CTAGTTTTTCA GCCTTGGGAG GTTTTATTCT GACTTCCTCT GATTTTGGCA TGTGGAGACA1500
   CTCCTATAAG GAGAGTTCAA GCCTGTGGGA GTAGAAAAAT CTCATTCCCA GAGTCAGAGG1560
   AGAAGAGACA TGTACCTTGA CCATCGTCCT TCCTCTCAAG CTAGCCAGAG GGTGGGAGCC1620
20 TAAGGAAGCG TGGGGTAGCA GATGGAGTAA TGGTCACGAG GTCCAGACCC ACTCCCAAAG1680
   CTCAGACTTG CCAAGGCTCCC TTTCTTTCT TCCCCAGGTC CTTCTTTTAG GTCTGGTTGT1740
   TGCACCATCT GCTTGGTTGG CTGGCAGCTG AGAGCCCTGC TGTGGGAGAG CGAAGGGGGT1800
   CAAAGGAAGA CTTGAAGCAC AGAGGGCTAG GGAGGTGGGG TACATTTCTC TGAGCAGTCA1860
   GGGTGGGAAG AAAGAATGCA AGAGTGGACT GAATGTGCCT AATGGAGAAG ACCCACGTGC1920
25 TAGGGGATGA GGGGCTTCTT GGGTCTGTT CCTACCCCA TTTGTGGTCA CAGCCATGAA1980
   GTACCCGGA TGAACCTATC CTCCAGTGG CTCGCTCCCT GTAGCTCTGC CTCCCTCTCC2040
   ATATCTCCTT CCCCTACACC TCCCTCCCCA CACCTCCCTA CTCCCCTGGG CATCTTCTGG2100
   CTTGACTGGA TGAAGGAGA CTTAGGAACC TACCAGTTGG CCATGATGTC TTTTCTTCTT2160
   TTTCTTTTTT TTAACAAAAC AGAACAAAAC CAAAAAATGT CCAGAAAAAA AAAAAAAAAA2220
30 TAAGGAGGAG GTTGGGAAG AG 2242

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230 :

- 35 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

```

50 QKIKNINXRR SXCLYIFLSE INPPSPARXE KEILHFLFSX TKGTXSSRXN LSXXDQXTPG 60
   XRAVSPHSDH METSLONGX? CPXPTKPKLX WSFPXLCSLH XSRKAQRQRQ LCPSXCHPPA 120
   HXWSXAPQGO GRQGLERGLW KDCSALCLRP LCWGHYRHA E 161

```

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231 :

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

15

```
TCVPARRPGL QLSCLOYYTG PSNATAGMET EGSCLENPKY YNYVAVLSLI ATIMLVQVSH 60
MVKLTLMMLV AGAVATINLY AWRPVFDEYD HKRFREHDLP MVALEQMQGF NPGLNGTDRL 120
PLVPSKYSMT VMVFLMMLSF YYFSRHVXKT XHGHFSCGKX 160
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232 :

(A) LÄNGE: 397 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

```
NQLSSIMVMF KKIKSFEVVF NDPEKVIYSG ERVAGRIVIVE VCEVTRVKAV RILACGVAKV 60
LWMQGSQQCK QTSEYLRVED TLLLEDQPTG ENEMVIMRPG NKYEYKFGFE LPQGPLGTSE 120
40 KGKYGCVDYW VKAFLDRPSQ PTQETKKNFE VVDLVDVNTD DLMAFVSAKK EKKVSCMFIP 180
DGRVSVSARI DRKGFCEGDE ISIHADFENT CSRIVVPKAA IVARHTYLAN GQTKVLTQKL 240
SSVRGNHIIS GTCASWRGKS LRVQKIRPSI LGCNLRVEY SLLIYVSVPG SKKVILDPL 300
VIGSRSGLS RTSSMASRTS SEMSWDLNI PDTPEAPPCY MDVIPEDHRL ESPTTPLLDD 360
45 MDGSQDSPIF MYAPEFKEMP PPTYTEVDPC ILNNNVQ 397
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233 :

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

10 IRGIDIHQIH YFKVFLCLLS WLARAVKKS L HPVYTPIFS FEGCSQRPLR KLKAELVLIF 60  
VSRSHDHHLI LTCWLVFQKK RVFIAQVLRS LFALLGSLHP KHFSHSASQD PNGFDTSNFT 120  
HLHYHPASHP LATAVHLFRV VKDHLKRLDL LEHHHDGTEL VLRVRNDGGR KKKLQIEETP 180  
LQKIISL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234 :

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

35 REKNFRPPFF FFFFFFFFFF FLGRSLGFIR SVGTLFRSEA PPSHGVGDGSG GRGNPSEHPG 60  
GCVVSMYFAL PHLFHGVPCQ GQALICGEGS KQRRRPFRGG ERAVAPRTPS PAHDIPEKET 120  
KIKPRGLST 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235 :

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY 60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236 :

- 10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

25 REKKSPQRQN HNMSRRNKKL LDIPGSFLYD SGLQVKFLSL SSEEFELIPA KYFNLFITAS 60  
SPIFFLGKGM LGLGPKLLAG GGAMCHSITD GCKCFTEQGS GLQQL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237 :

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

45 EKYEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADFQ QTLFPLFKEL 60  
VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238 :

50

- (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAAGAAQQ 60  
 LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA 120  
 15 LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPCKCLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR 180  
 RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG 240  
 GLIFIFALRW LKAFI 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239 :

20

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGSVNGCA LGGTVERCAK 60  
 SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQO SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA 120  
 ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG 180  
 40 PSRSRWSPGC SSVCSG 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240 :

45

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

5 GQRCPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60  
 PTPPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK GCSGTLPPNL 120  
 LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241 :

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

30 SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMIQNIK YISIIYINTQL 60  
 GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSHTLM CSHTHAQTKH 120  
 RHRRVSNSTL LIGKQAWDIP LQ 142

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242 :

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

50 RLVGPPLVLQ RLLRSGTLSS SANALASVLT MPSLWDRFSS SSTSSSPSSL PRTPTPDRPP 60  
 RSAWGSATRE EGFDRSTSLE SSDCESLDSS NSGFGPEEDT AYLDGVSLPD FELLSDPEDE 120  
 HLCANLMQLL QESLAQARLG SRRPARLLMP SQLVSQVGKE LLRLAYSEPC GLRGALLDVC 180  
 VEQKGSCHSV GQLALDPSLV PTFQLTLVLR LDSRLWPKIQ GLFSSANSPP LPGFSQSLTL 240  
 STGFRVIKKK LYSSEQLLIE EC 262



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243 :

- 5 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

20 GGGGGIVFPR KLIELCAGGC ALGTHTPQYC SMKQRLRGQQ GFQLDVCVAC TLLFLLLTVN 60  
 SGVTSREQLG CSRPSLAQGE GRGTCSSSEQP EGGGRSEVVE VVCVSYWSEG TKCVCCCLFCI 120  
 LFF 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244 :

- 25 (A) LÄNGE: 1211 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

40 IMAAQSSLYN DDRNLLRIRE KERRNQEAAHQ EKEAFPEKIP LFGEPEYKTAK GDELSSRIQN 60  
 MLGNYEEVKE FLSTKSHTHR LDASENRLGK PKYPLIPDKG SSIPSSSFHT SVHHQSIHTP 120  
 ASGPLSVGNI SHNPKMAQPR TEPMPSLHAK SCGPPDSQHL TQDRLGQEGF GSSHKKKGDR 180  
 45 RADGDHCASV TDSAPERELS PLISLPSPVP PLSPIHSNQQ TLPRTQGSSK VHGSNNNSKG 240  
 YCPAKSPKDL AVKVHDKETP QDSLVAQAQP PSQTFPPPSL PSKSVAMQQK PTAYVRPMDG 300  
 QDQAPSESPE LKPLPEDYRQ QTFEKTDLVK PAKAKLTKLK MPSQSVEQTY SNEVHCVEEI 360  
 LKEMTHSWPP PLTAIHTPST AEPSKFPPFT KDSQHVSSVT QNQQYDTSS KTHSNSQQGT 420  
 SSMLEDDLQL SDESSEDSEQ TPEKPPSSSA PPSAPQSLPE PVASAHSSSA ESESTSDSDS 480  
 50 SSDSESESSS SDSEENEPLT TPAPEPEPPT TNKWQLDNWL TKVSQPAAPP EGPRSTEPPR 540  
 RHPESKGSSD SATSQEHSES KDPPPKSSSK APRAPPEAPH PGKRSCQKSP AQQEPQRQT 600  
 VGTKQPKPV KASARAGSRT SLQGEREPGL LPYGRDQTS KDKPKVKTG RPRAAASNEP 660  
 KPAVPPSSEK KKHKSSLPAP SKALSGPEPA KDNVEDRTP HFALVPLTES QGPPHSGSGS 720  
 RTSGCRQAVV VQEDSRKDRL PLPLRDTKLL SPLRDTPPPQ SLMVKITLDL LSRIPOPPGK 780  
 55 GSRQRKAEDK QPPAGKKHSS EKRSSDSSSK LAKKRKGEAE RDCDNKKIRL EKEIKSQSSS 840

SSSSHKESSK TKPSRPSSQS SKKEMPLPPP VSSSSQKPAK PALKRSRREA DTCGQDPPKS 900  
 ASSTKSNHKD SSIPKQRRVE GKGSRSSEH KGSSGDTANP FPVPSLPNGN SKPGKPQVKF 960  
 DKQQADLHMR EAKMKQKAE LMTDRVGKAF KYLEAVLSFI ECGIATESES QSSKSAYSVY1020  
 SETVDLIKFI MSLKSFSDAT APTQEKIFAV LCMRCQSILN MAMFRCKKDI AIKYSRTLNK1080  
 5 HFESSSKVAQ APSPCIASTG TPSPLSPMPS PASSVGSQSS AGSVGSSGVA ATISTPVTIQ1140  
 NMTSSYVTIT SHVLTAFDLW EQAEALTRKN KEFFARLSTN VCTLALNSSL VDLVHYTRQG1200  
 FQQLQELTKT P 1211

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245 :

10

- (A) LÄNGE: 323 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GFPGLELPFG KEGTGKGFAV SPEEPLCSEE LLEFPFSTLL CLGMEESLWL LLVLLALLGG 60  
 SWPOVSASRL DLLSAGLAGF WEDEDTGGGG SISFFEDCEE GLEGFVLEDS LWEDEDEDDC 120  
 DLISFSSLIF LLSQSLASAP FLFLANLLEL SELLFSELCE FPAGGCLSSA FLWRLPFPFG 180  
 30 WGIRESRSRV IFTIKLCGGG VSLSGESSLV SLKGNGLSL RLSSWTTTAW RQPLVLLPLP 240  
 LWGGPWLSVR GTRAKCSGVL SSTLSFAGSG PERALEGAGR ELLCFFFSLE GGTAGLGSLL 300  
 AAARGRPVFV TLGLSLEVWS REP 323

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246 :

35

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

DHPAEELGQS ICICHPRTL MKTLLLLAVI MIFGLLQAHG NLVNFHRMIK LTTGKEAALS 60  
 YGFYGCCHGV GGRGSPKDAT DRCCVTHDCC YKRLEKRGCG TKFLSYKFSN SGSRITCAKQ 120  
 DSCRSQCEC DKAAATCFAR NKTTYNKKYQ YYSNKHCRGS TPRC 164

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247 :

- 5 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

20 EREIQHWVEG FQGRGDSATR GAPSAVFIGI VLVLFIVGRL VSSKTGGSSL ITLTQLTSAG 60  
VLFCTGDSAP RVAKLVAKKF GATSTFLQTF VATVMSDTAA IRCILGGSSA THATVAAVEA 120  
ITECGFLSCR QLDHSVEIHQ IPMGLQ 146

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248 :

- 25 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

40 ASMPSPQRAS TRVMLSGNVR CSCHRGPPPG KCLVSSGSRP QERVPCGALG AGPDHHQDPR 60  
TVESVAACSA PLGKSFRHQP ATQFEQPRRL HPAKQARGY LRPWGNPCS SVSVRQHTKS 120  
KEIILFPQIP FLSDPLTAS ASFPSPSQAV FFFFF 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249 :

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:  
10 PRACGFAGWS LRGCSNWWAG WCLKLFPSGA LHAATDSTVL GSWWWSGPAP SAPQGTLSG 60  
LDPLDTRHFP GGGPLWQLHL TFPLSITLVE ALCGLGMLAQ FSFPLLIKPP VPFL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250 :

15 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

EVLCPGKGXT TLELLXXCAD SKRKRRGKRX AAFSRAEHEG FRGSRVPAAV GYFKRxEQVS 60  
QNGFXQLEXG XLPRMAETVD TXRNGQRRYR TKDXALKSPA PSPPRPLIXK AKTALPAQSA 120  
ATLPARTQET PSAQMEXLPQ SETRVGGPXI RXASSRSXAQ CLLCHK 166

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251 :

40 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

PFRXVSTVSA IRGXIPXSSW XXPFWETCSX LLKYPTAAGT RLPLKPSCSA REKAAXLXPL 60  
 LFLLLSAXLX SNSNVVXPPX GQRTSHXQVA ADFSNASWRL MSFSTSSTLW PISRLDRYGS 120  
 CPSSQASXHT GVS 133

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252 :

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

PSSCPHWCSG LEFWRSASAG TAVMGATGAE AVVGVTTLVL VRGLQAFLDG LDLRQLHAHA 60  
 LPVHQCVQGL LHPSGRVAAQ ARAATGGVHP AGHPQAQGAS GATAAARLSH QLLAAHGGAA 120  
 25 ARQLLLGAGR AVDGEVAQAR PGPGGQQQGG HEAEGQHGP EDWGAGAGRW AQAGSARRAG 180  
 ERRRAHGGTA WPSWRTTRRR PRGDGAARRA NGDVAGEVSR RAGGEQAWPP RRCAASSARP 240  
 RQAAGGGEGQ GA 252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253 :

30

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

SPLPLAAPRR LPGPGRGCGA APRRPGLLPS GTPANFFRYV PVRPPGRPVV PRPPGPGPPG 60  
 RPPGRAAVCPP PLARAPRAPR LRPAPRARAP VLGRSMLPLC LVAALLLAAG PGPSLGDEAI 120  
 HCPPCSEEL ARCRPPVGCE ELVREPGCGC CATCALGLGM PCGVYTPRCG SGLRCYPPRG 180  
 50 VEKPLHTLMH GQGVCMELAE IEAIQESLQP SDKDEGDHPN NSFSPCSAHD RSACRSTSPK 240  
 FETGAPVGAR 250

55

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
  - 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.
  - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
  - oder
  - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq ID No. 1-100, 218-229, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovamormalgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 in einem Phage Display Verfahren.
- 30 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
- 35 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 40 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.
- 45 30. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 in sense oder antisense Form.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 50 32. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.



33. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq ID No. 104-217, 230-253.
- 5 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 10 35. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 15 36. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229.
- 20 37. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 25 38. Verwendung gemäß Anspruch 37, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 30 39. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.
40. Eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 31, 36, 40, 42, 53, 60, 68, 72, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

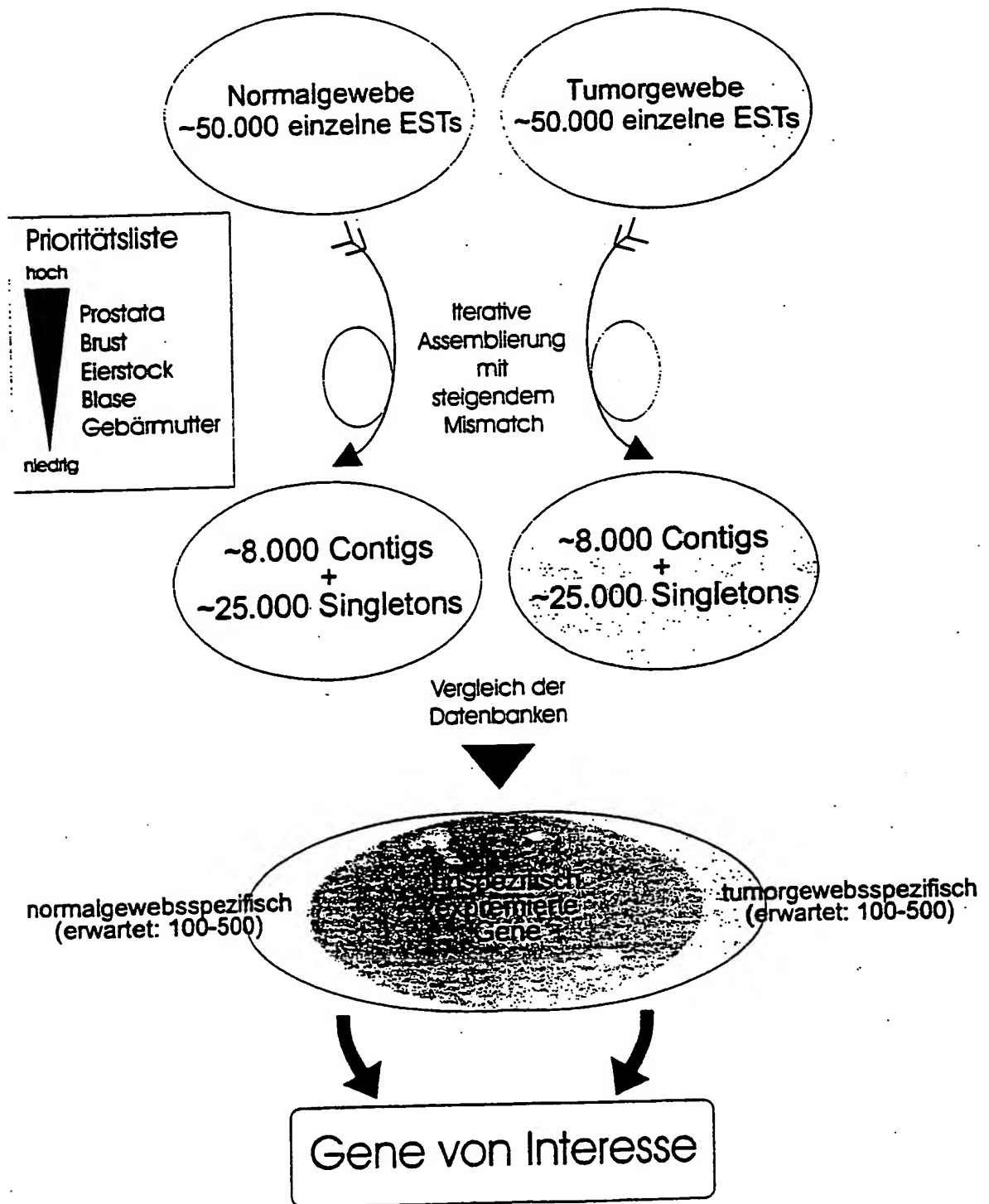


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

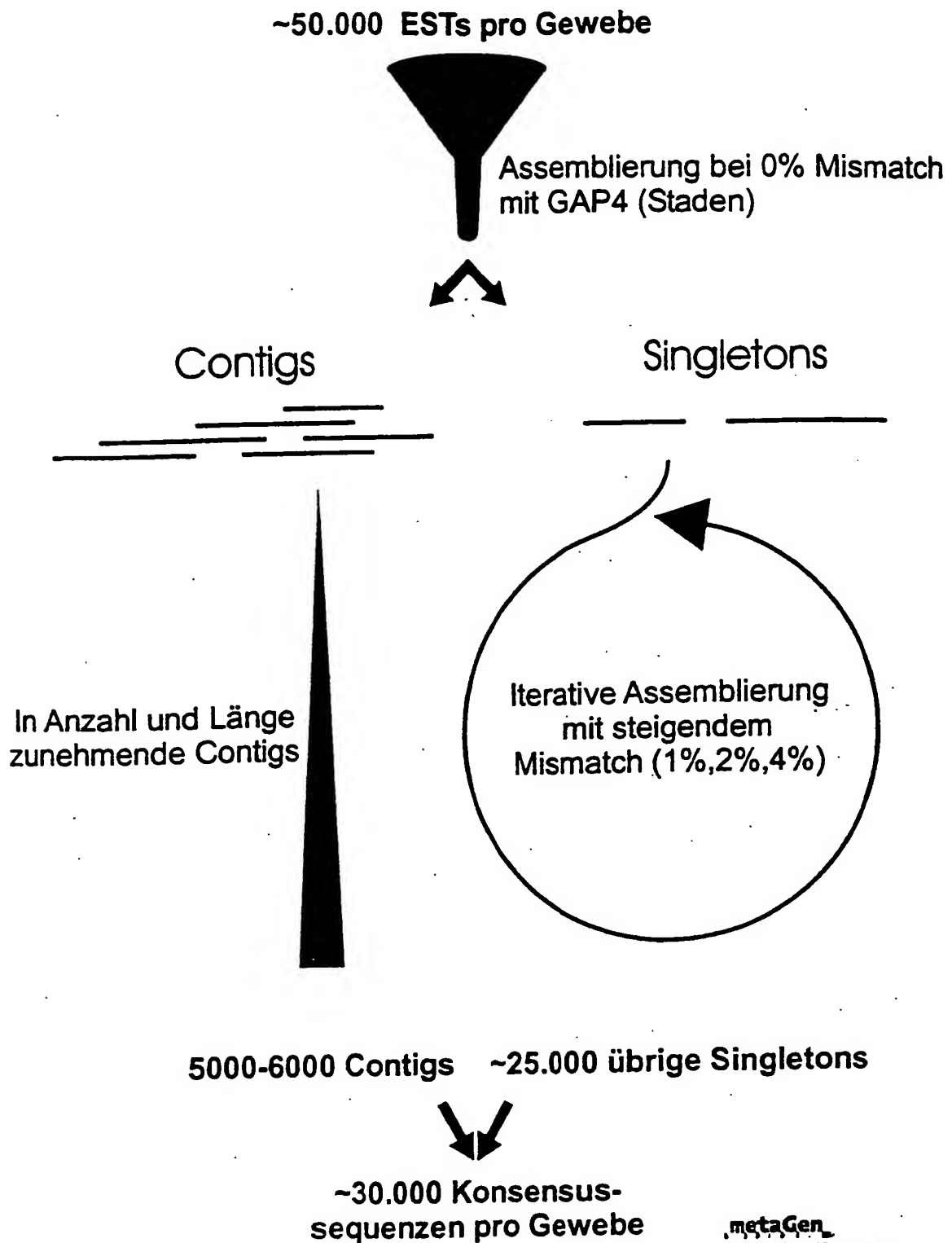


Fig. 2a

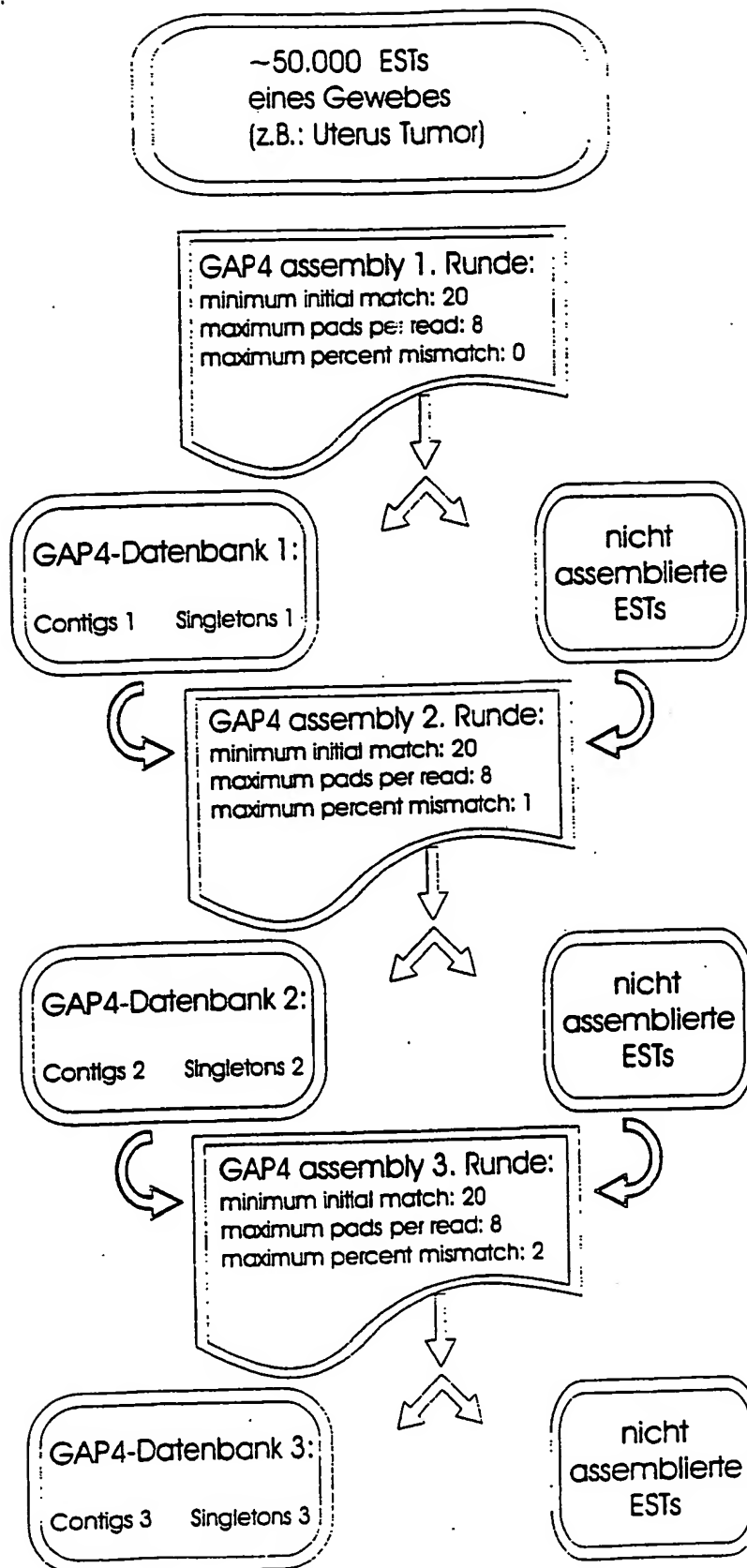


Fig. 2b1

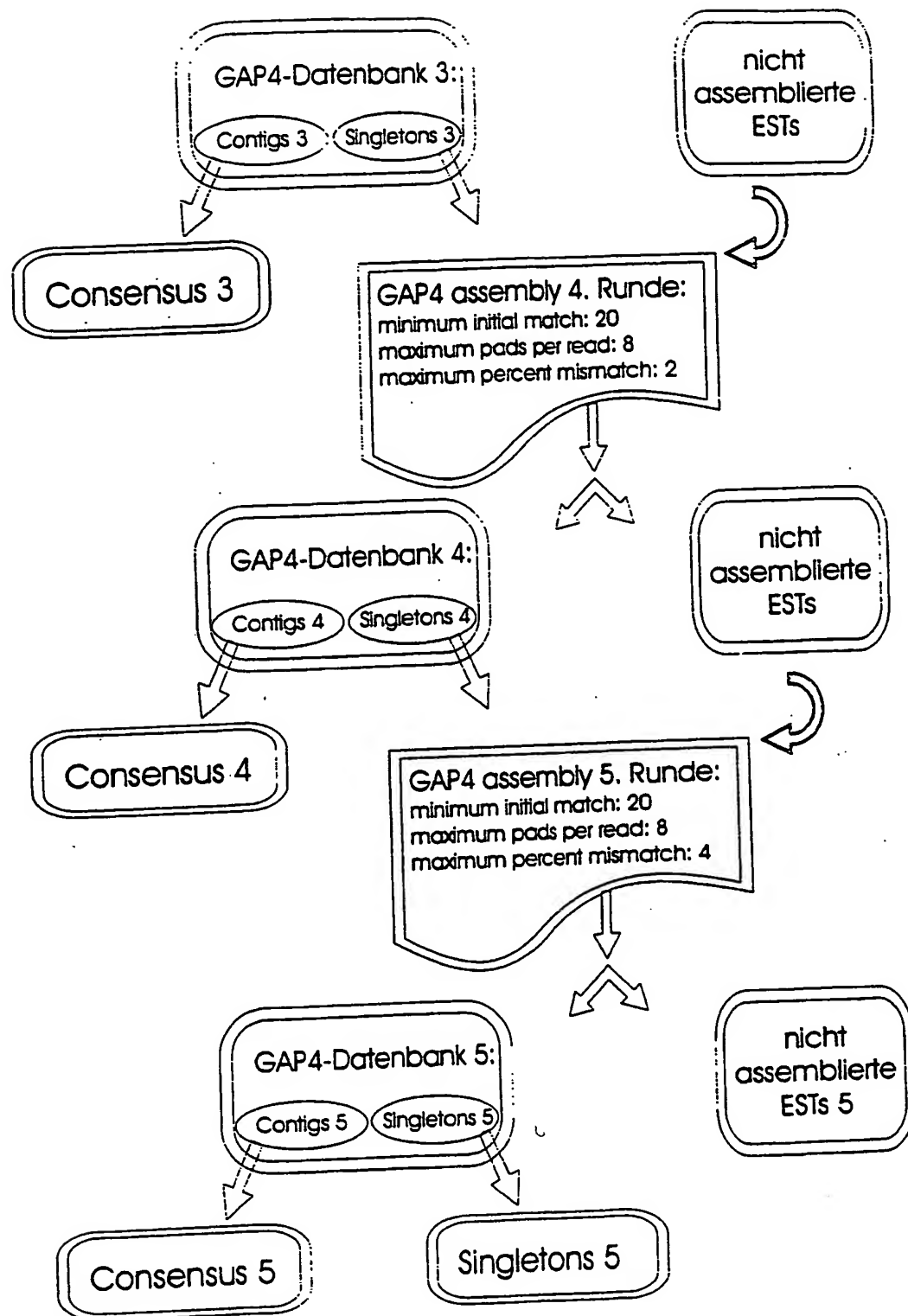


Fig. 2b2

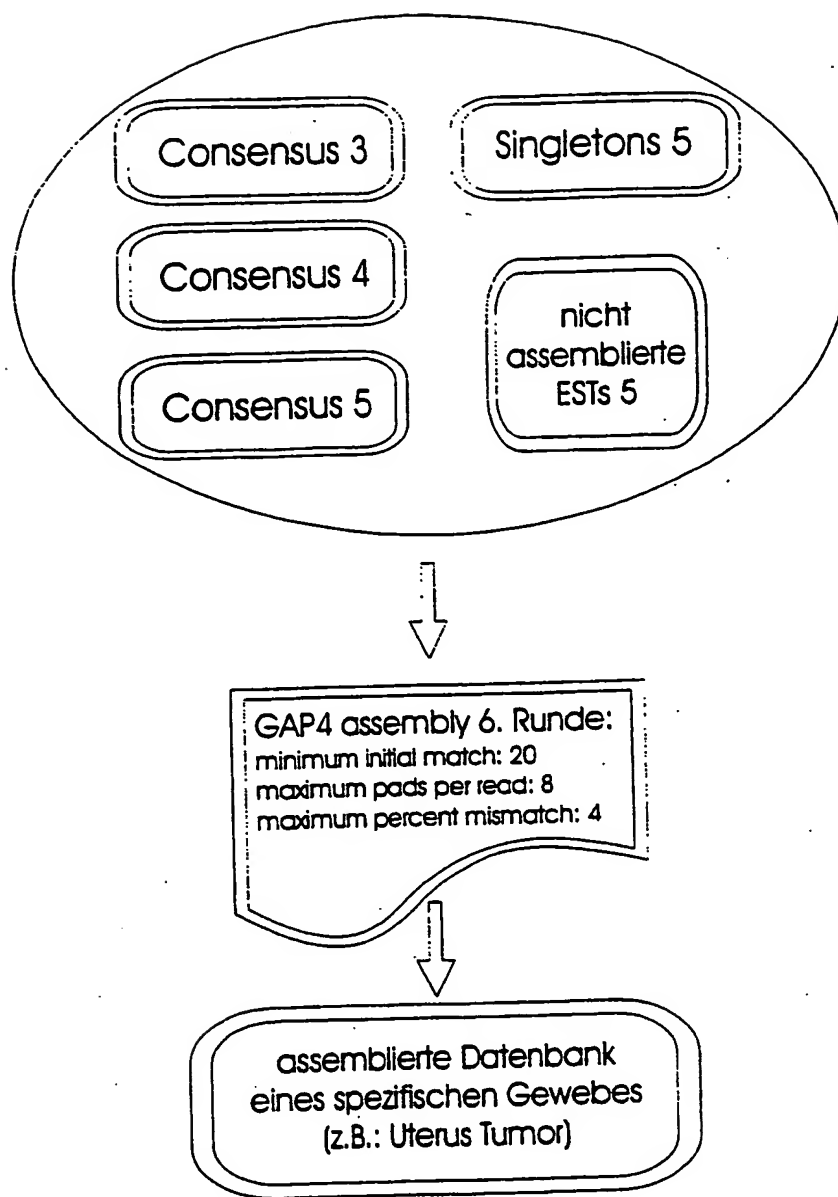


Fig. 2b3

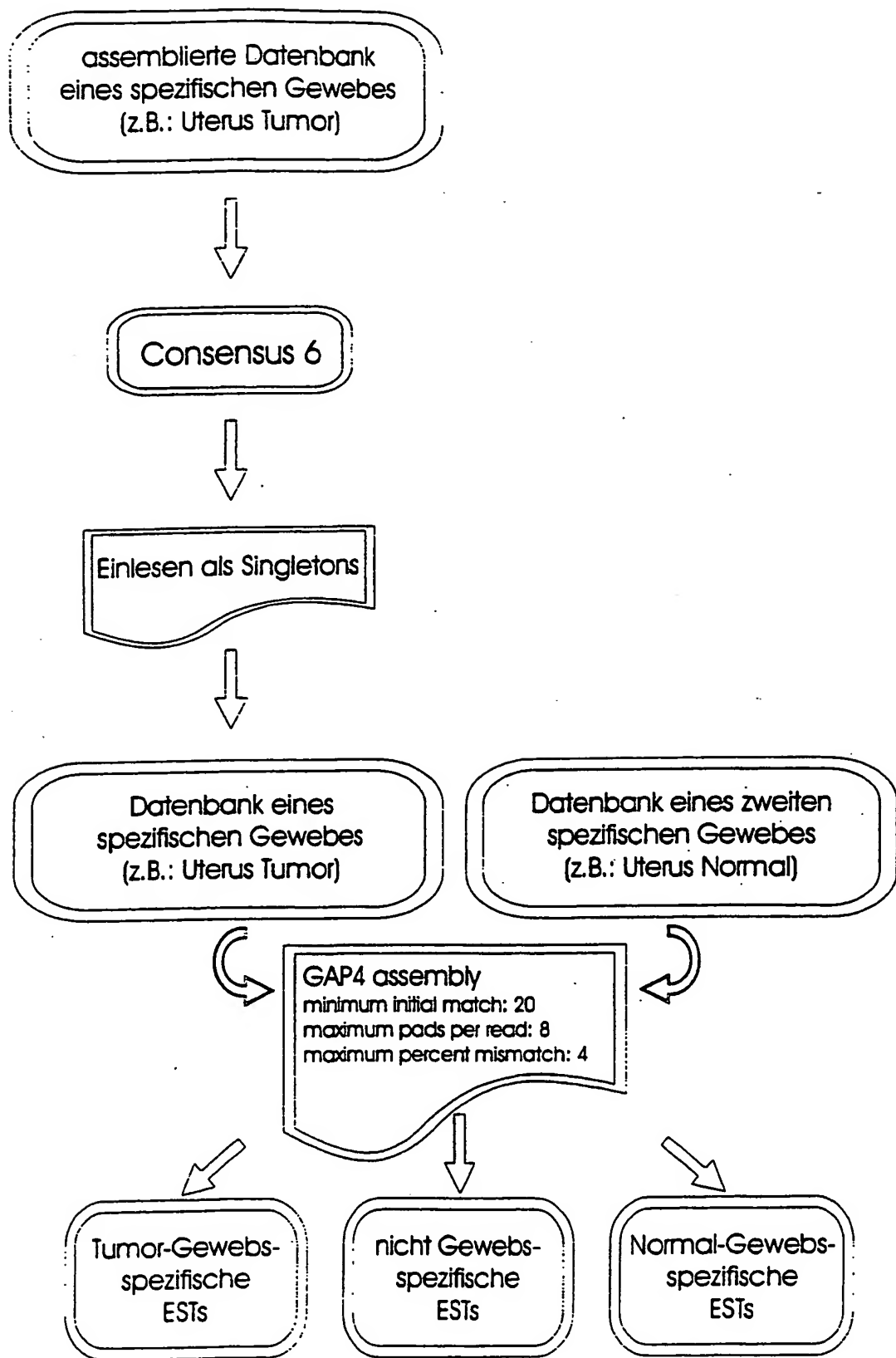


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

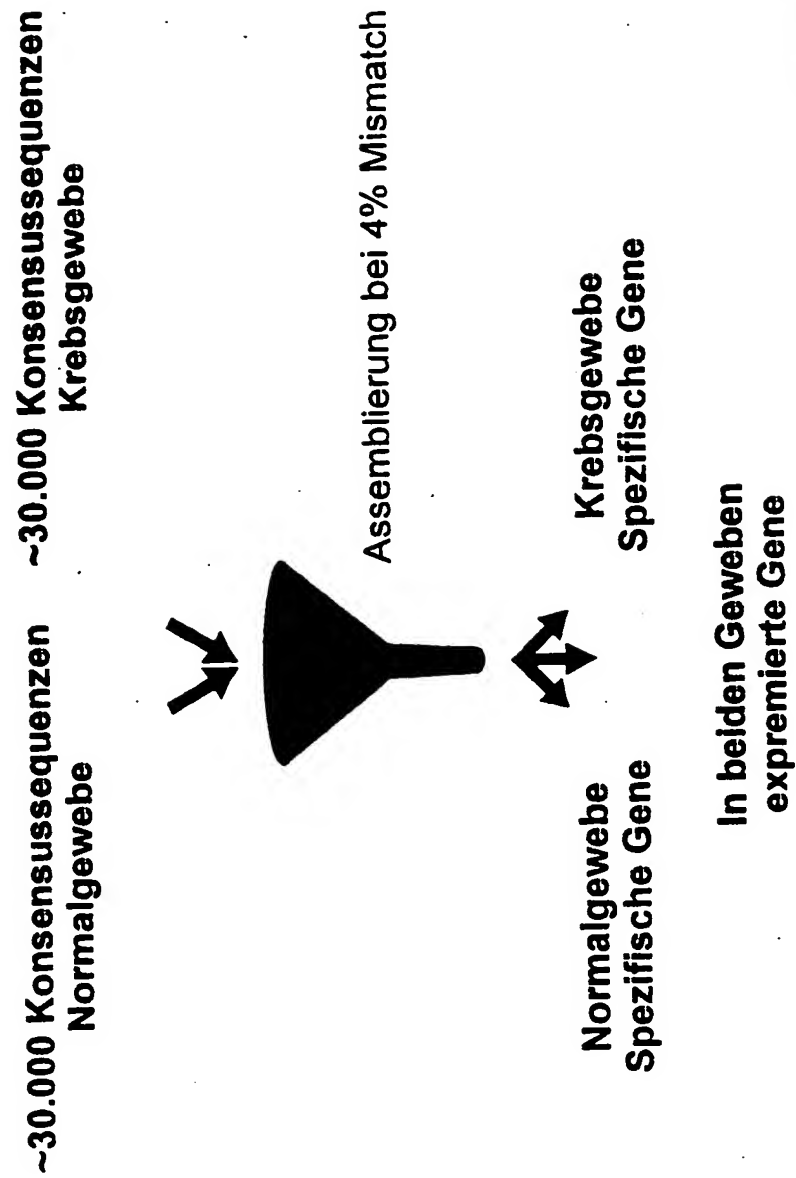
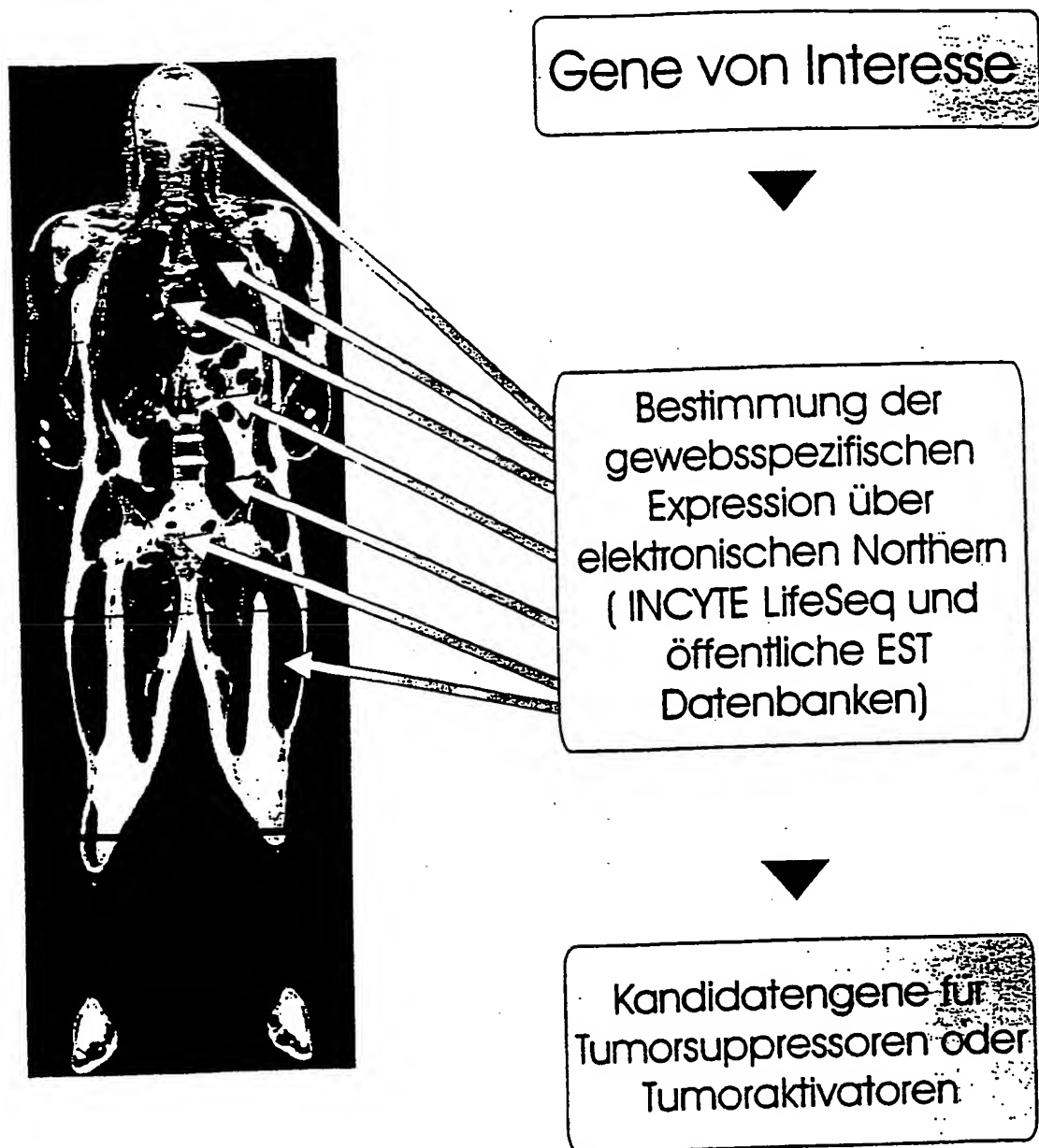


Fig. 3





**metaGen**  
Gesellschaft für Genomforschung mbH

Fig. 4a

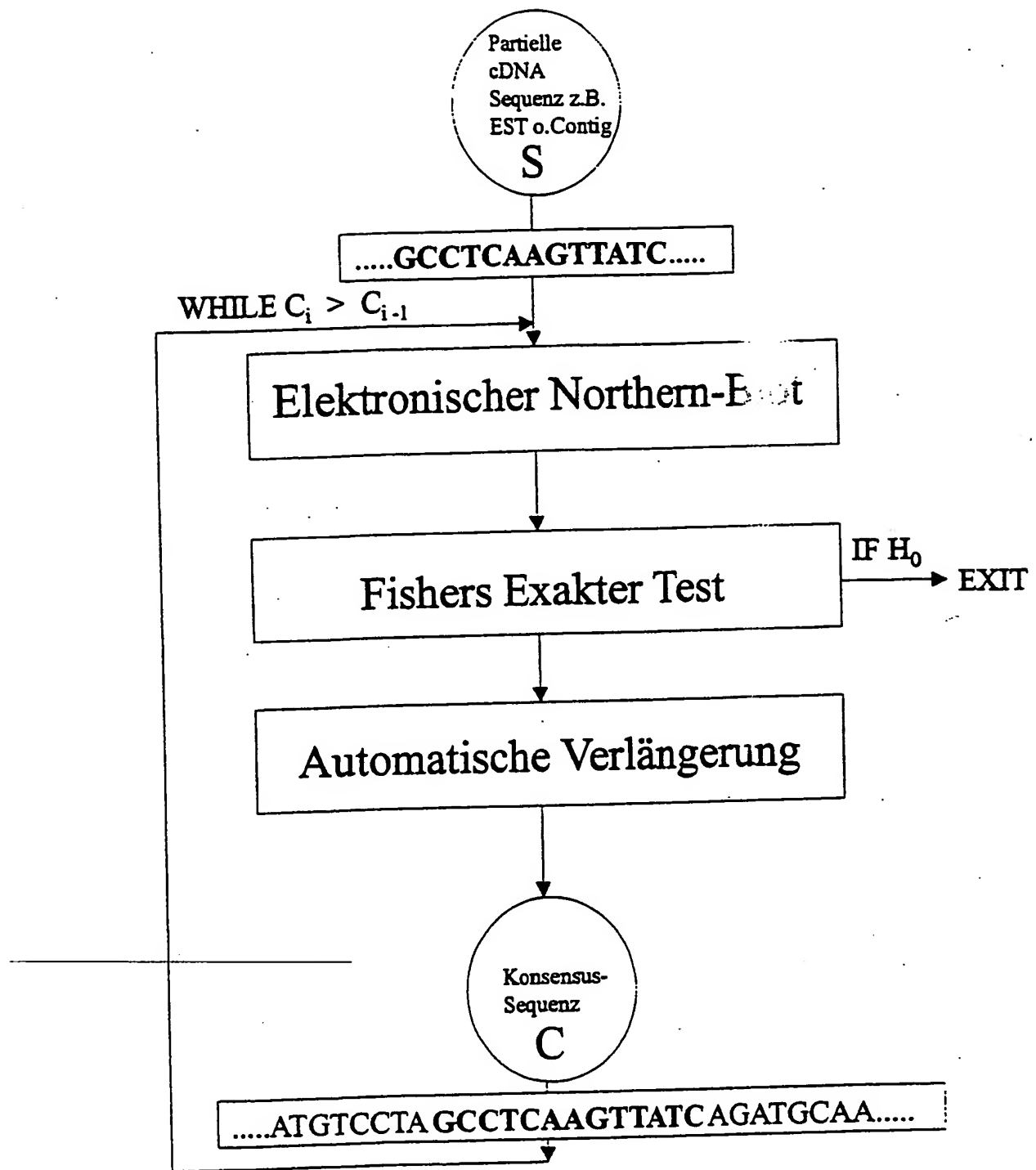


Fig. 4b

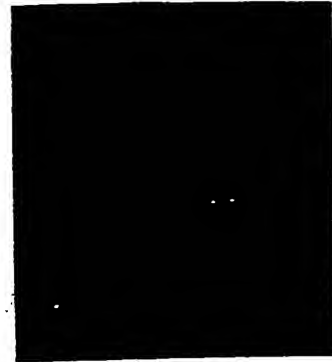
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**PCT**  
 WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
 Internationales Büro  
 INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
 INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> : <b>C07K 14/335, 14/705, C12Q 1/68,                  C12N 15/10, G01N 33/574</b>	<b>A3</b>	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/51727</b>  (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 14. Oktober 1999 (14.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01070  (22) Internationales Anmeldedatum: 31. März 1999 (31.03.99)  (30) Prioritätsdaten: 198 16 395.9      3. April 1998 (03.04.98)      DE  (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  Veröffentlicht Mit internationalem Recherchenbericht.  (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts: 6. Juli 2000 (06.07.00)
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL OVARY TISSUE  (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARNORMALGEWEBE  (57) Abstract  The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal ovary tissue, coding for genetic products or parts thereof. The invention also relates to the use thereof. The invention further relates to polypeptides that can be obtained using said sequences and to the use thereof.  (57) Zusammenfassung  Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovarnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01070

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10 G01N33/574

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C07K C12Q C12N G01N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]            IC,AC AF034582,            14 November 1997 (1997-11-14)            SHUGRUE, C.A. ET AL.: "Rattus norvegicus            vesicle associated protein (VAP1) mRNA"            XP002128356            abstract            &amp; SHUGRUE ET AL.: "Antibodies to an            epitope on synapsin I ..."            EUR. J. CELL BIOL.,            vol. 65, no. (2), 1994, pages 327-340,            ---            -/--</p>	1

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

### \* Special categories of cited documents :

\*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

\*E\* earlier document but published on or after the international filing date

\*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

\*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

\*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

\*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

\*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

\*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

\*Z\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

21 January 2000

Date of mailing of the international search report

7 April 2000 (07.04.00)

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
 NL - 2280 HV Rijswijk  
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
 Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

HERMANN R.

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01070

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  ID HS1291270; AC AA496329,  3 July 1997 (1997-07-03)  HILLIER, L. ET AL.: "Soares ovary tumor  NbHOT Homo sapiens cDNA clone 755776  (EST)"  XP002128357  abstract</p> <p>---</p>	1
A	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  ID HSZ78309; AC Z78309,  16 August 1996 (1996-08-16)  MASSART, C. ET AL.: "H. Sapiens mRNA (EST;  from fetal brain)"  XP002128358  abstract</p> <p>---</p>	1
Y	<p>HENRIKSEN, R. ET AL.: "Expression and  prognostik significance of TGF-beta  isotypes ..."  LABORATORY INVESTIGATION,  vol. 73, no. 2, 1995, pages 213-220,  XP002128353  abstract</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>HIRTE, H.W. ET AL.: "Differntial display  of mRNA ..."  PROC. AM. ASS. CANCER RES.,  vol. 36, no. 0, 1995, page 184 XP002128354  abstract</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>YU, Y.H. ET AL.: "Differntial display of  genes expressed in normal ovarian surface  epithelium ..."  PROC. AM ASS. CANCER RES.,  vol. 37, no. 0, 1997, page 592 XP002074635  abstract</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>MOK, S.C. ET AL.: "Molecular cloning of  differentially expressed genes in human  epithelial ovarian cancer"  GYNECOLOGIC ONCOLOGY,  vol. 52, 1994, pages 247-252, XP002128355  abstract</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>YU, W. ET AL.: "Large-scale concatenation  cDNA sequencing"  GENOME RESEARCH,  vol. 7, 1997, pages 353-358, XP002128368  abstract</p> <p>-----</p>	1-40

**Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)**

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)**

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see extra sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:  
1-40, all in part.

**Remark on Protest**

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.



## ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

1. Claims Nos. 1-40, all in part

Nucleic acid sequence with SEQ ID NO. 1, variants thereof and complementary sequences ; polypeptide partial sequences coded thereby ; use thereof, etc.

2. Claims Nos. 1-40, all in part

INVENTIONS 2-112

Nucleic acid sequence with SEQ ID NO. 2-104 and 218-229, variants thereof and complementary sequences ; polypeptide partial sequences coded thereby ; use thereof, etc.

## A. KLASSTIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10 G01N33/574

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C07K C12Q C12N G01N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

## C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  IC, AC AF034582,  14. November 1997 (1997-11-14)  SHUGRUE, C.A. ET AL.: "Rattus norvegicus  vesicle associated protein (VAP1) mRNA"  XP002128356  Zusammenfassung  &amp; SHUGRUE ET AL.: "Antibodies to an  epitope on synapsin I ..."  EUR. J. CELL BIOL.,  Bd. 65, Nr. (2), 1994, Seiten 327-340,  ---  -/-</p>	1

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☐ Siehe Anhang Patentfamilie

\* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&amp;" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

21. Januar 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

7. April 2000 (07.04.00)

Name und Postanschrift der internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

HERMANN R.

## C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  ID HS1291270; AC AA496329,  3. Juli 1997 (1997-07-03)  HILLIER, L. ET AL.: "Soares ovary tumor  NbHOT Homo sapiens cDNA clone 755776  (EST)"  XP002128357  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1
A	<p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]  ID HSZ78309; AC Z78309,  16. August 1996 (1996-08-16)  MASSART, C. ET AL.: "H. Sapiens mRNA (EST;  from fetal brain)"  XP002128358  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1
Y	<p>HENRIKSEN, R. ET AL.: "Expression and  prognostik significance of TGF-beta  isotypes ..."  LABORATORY INVESTIGATION,  Bd. 73, Nr. 2, 1995, Seiten 213-220,  XP002128353  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>HIRTE, P.W. ET AL.: "Differntial display  of mRNA ..."  PROC. AM. ASS. CANCER RES.,  Bd. 36, Nr. 0, 1995, Seite 184 XP002128354  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>YU, Y.H. ET AL.: "Differntial display of  genes expressed in normal ovarian surface  epithelium ..."  PROC. AM ASS. CANCER RES.,  Bd. 37, Nr. 0, 1997, Seite 592 XP002074635  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>MOK, S.C. ET AL.: "Molecular cloning of  differentially expressed genes in human  epithelial ovarian cancer"  GYNECOLOGIC ONCOLOGY,  Bd. 52, 1994, Seiten 247-252, XP002128355  Zusammenfassung</p> <p>---</p>	1-40
Y	<p>YU, W. ET AL.: "Large-scale concatenation  cDNA sequencing"  GENOME RESEARCH,  Bd. 7, 1997, Seiten 353-358, XP002128368  Zusammenfassung</p> <p>-----</p>	1-40

**Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)**

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.  
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
  
2. ☐ Ansprüche Nr.  
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
  
3. ☐ Ansprüche Nr.  
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

**Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)**

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

**Siehe Zusatzblatt**

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
  
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
  
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
  
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

1 - 40, alle teilweise

**Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs**

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

## 1. Ansprüche: 1-40, alle teilweise

Nukleinsäure-Sequenz mit SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.

## 2. Ansprüche: 1-40, alle teilweise

## ERFINDUNGEN 2-112:

Nukleinsäure-Sequenz mit SEQ ID NO 2-104 und 218-229, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid- Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.